This Page Is Inserted by IFW Operations and is not a part of the Official Record

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images may include (but are not limited to):

- BLACK BORDERS
- TEXT CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES
- FADED TEXT
- ILLEGIBLE TEXT
- SKEWED/SLANTED IMAGES
- COLORED PHOTOS
- BLACK OR VERY BLACK AND WHITE DARK PHOTOS
- GRAY SCALE DOCUMENTS

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning documents will not correct images,
Please do not report the images to the
Image Problem Mailbox.

THIS PAGE BLANK (USPTO)

世界知的所有権機関 国際事務局 特許協力条約に基づいて公開された国際出願



(51) 国際特許分類6

PCT

C12N 15/12, 15/63, C07K 14/435, 16/18, C12Q 1/68, C12N 1/21, C12P 21/02, 21/08, G01N 33/53

(11) 国際公開番号

WO99/18201

(43) 国際公開日

1999年4月15日(15.04.99)

(21) 国際出願番号

PCT/JP98/04467

A1

(22) 国際出願日

1998年10月2日(02.10.98)

(30) 優先権データ 特願平9/286214

1997年10月3日(03.10.97)

(71) 出願人;および

(72) 発明者

藤田 潤(FUJITA, Jun)[JP/JP]

〒606-8305 京都府京都市左京区吉田河原町14

マンハイム鴨川301号 Kyoto, (JP)

(74) 代理人

弁理士 石田 敬,外(ISHIDA, Takashi et al.) 〒105-8423 東京都港区虎ノ門三丁目5番1号 虎ノ門37森ビル 青和特許法律事務所 Tokyo,(JP) (81) 指定国 AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, CA, CH, CN, CU, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IS, JP, KE, KG, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MD, MG, MK, MN, MW, MX, NO, NZ, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZW, ARIPO特許 (GH, GM, KE, LS, MW, SD, SZ, UG, ZW), ユーラシア特許 (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), 欧州特許 (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE), OAPI特許 (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

添付公開書類

国際調査報告書

(54)Title: GANKYRIN

(54)発明の名称 ガンキリン

(57) Abstract

A gankyrin having the amino acid sequence specified in SEQ ID NO: 2; a modified gankyrin which has an amino acid sequence formed by modifying the amino acid sequence specified in SEQ ID NO: 2 by deletion, addition, and/or substitution by other amino acid of one or more amino acids and maintains the biological activity of the gankyrin; a gene coding for the gankyrin or the modified gankyrin; and the production process and use of said proteins.

(57)要約

配列番号:2に示すアミノ酸配列を有するガンキリン(gankyrin)又は、配列番号:2に示すアミノ酸配列において1又は複数個の アミノ酸の欠失、付加及び/又は他のアミノ酸による置換により修 正されたアミノ酸配列を有し、且つガンキリンの生物学的活性を維 持しているガンキリン修飾体、それをコードする遺伝子、該蛋白質 の製造方法及び用途。

PCTに基づいて公開される国際出願のパンフレット第一頁に掲載されたPCT加盟国を同定するために使用されるコード(参考情報)

```
SSSSSTTTTTTTUU
                                                      ワガング
米国
ペキスタン
ヴィーゴースタム
エーフリカ共和国
ジンバブエ
                                     ルーマニア
ロシア
スーダン
スウェーデン
```

明細書

ガンキリン

発明の分野

本発明は新規蛋白質ガンキリン(gankyrin)、その製造及びその利用に関する。

背景技術

肝細胞癌(hepatocellular carcinoma; H C C)は東洋及び南アフリカにおける最も普通に見出される癌の1種である。過去10年間にH C C 患者の診断及び治療は大きな進展があり、その結果、切除可能な症例が増加している(Arii, S. et al., Primary liver cancer in Japan, Springer-Verlag(1992)243-255; The liver cancer Study Group of Japan, Primary liver cancer in Japan, Springer-Verlag(1992)445-453)。しかしながら、その著しい進展にも拘らず、生存率は低いままである。生存期間の延長に対する主たる障害の1つは腫癌を巨視的に完全に除去した後の肝内再発のようである(The Liver Cancer Study Group of Japan, Ann. Surg.(1990)211, 277-287; Belghiti, J. et al., Ann. Surg.(1991)214, 114-117)。

これに関して、肝内再発及び生存期間の延長に影響する予後判定因子を決定するために大きな努力が払われてきた。今まで、本発明者らはHCCの幾つかの遺伝子の発現を分析した (Mise, M. et al., Hepatology (1996) 23, 455-464; Furutani, M. et al., Hepatology (1996) 24, 1441-1445; Furutani, M. et al., Cancer Lett. (1997) 111, 191-197) 。その結果得られたkan-1 (胆汁酸Co

A:アミノ酸N-アシルトランスフェラーゼ)mRNAを新規な予後判定因子として同定した。この因子の発現は、予後不良例のHCC中で減少する (Furutani, M. et al., Hepatology (1996) 24, 1441-1445)。

この他にも、門脈併発、α-フェトプロテイン(AFP)レベル、腫瘍サイズ、腫瘍の数のごとき従来からの臨床予後因子に予測価値を付加するHCCの新規な分子マーカーが求められている(The liver Cancer Study Group of Japan, Primary liver Cancer in Japan, Springer-Verlag (1992) 445-453; The liver Cancer Study Group of Japan, Ann. Surg. (1990) 211, 277-287; The liver Cancer Study Group of Japan, Cancer (1994) 74, 2772-2780; Franco, D. et al., Gastroenterology (1990) 98. 733-738; Calvet, Xet al., Hepatology (1990) 12, 753-760)。

発明の開示

本発明者は、HCCにおいて発現が増加する分子マーカーを同定するために、HCC患者の切除肝のcDNAから健常人の肝臓cDNAをサブトラクト(subtract)した。その結果、アンキリンリピートモチーフ(ankyrin repeat motif)のみからなり、in vitroおよびin vivo のアッセイ系で癌原性を示す新規な遺伝子、ガンキリンを単離した。

従って本発明は、新規なガンキリンポリペプチド、それをコード する遺伝子系、該ポリペプチドの製造方法、及び該ポリペプチドに 対する抗体、並びにそれらの用途を提供する。

上記の課題を解決するため、本発明は、配列番号:2に示す1.4 位のAlaから226位のGlyまでのアミノ酸配列から成り、且 つガンキリンの生物学的活性を有するポリペプチドを提供する。 本発明はまた、配列番号:2に示す14位のA1aから226位のG1yまでのアミノ酸配列において1又は複数個のアミノ酸の欠失、付加及び/又は他のアミノ酸による置換により修飾されたアミノ酸配列から成り、且つガンキリンの生物学的活性を維持しているポリペプチドを提供する。

本発明はまた、配列番号:2に示す1位のMetから226位のGlyまでのアミノ酸配列から成り、ガンキリンの生物学的活性を有するポリペプチドを提供する。

本発明はまた、配列番号:2に示す1位のMetから226位のGlyまでのアミノ酸配列において1又は複数個のアミノ酸の欠失、付加及び/又は他のアミノ酸による置換により修飾されたアミノ酸配列から成り、且つガンキリンの生物学的活性を維持しているポリペプチドを提供する。

本発明はまた、配列番号:1に示す塩基配列を有するDNAと、ストリンジェントな条件下でハイブリダイズすることができるDNAによりコードされており、且つガンキリンの生物学的性質を有するポリペプチドを提供する。ストリンジェントな条件とは、例えば65℃、0.1×SSC及び0.1%SDSにより与えられる条件である。

本発明はまた、配列番号:2に示す14位のA1aから226位のG1yまでのアミノ酸配列から成り、且つガンキリンの生物学的活性を有するポリペプチドをコードするDNA、配列番号:2に示す14位のA1aから226位のG1yまでのアミノ酸配列において1又は複数個のアミノ酸の欠失、付加及び/又は他のアミノ酸による置換により修飾されたアミノ酸配列から成り、且つガンキリンの生物学的活性を維持しているポリペプチドをコードするDNA又は配列番号:1に示す塩基配列を有するDNAと、ストリンジェントな

条件下でハイブリダイズすることができるDNAによりコードされており、且つガンキリンの生物学的性質を有するポリペプチドにシグナル配列が付加されたシグナル付加ポリペプチドを提供する。ストリンジェントな条件とは、例えば65℃、0.1×SSC及び0.1%SDSにより与えられる条件である。

本発明はまた、配列番号:4に示す14位のAlaから231位のMetまでのアミノ酸配列から成り、且つガンキリンの生物学的活性を有するポリペプチドを提供する。

本発明はまた、配列番号:4に示す14位のAlaから231位のMetまでのアミノ酸配列において1又は複数個のアミノ酸の欠失、付加及び/又は他のアミノ酸による置換により修飾されたアミノ酸配列から成り、且つガンキリンの生物学的活性を維持しているポリペプチドを提供する。

本発明はまた、配列番号:4に示す1位のMetから231位のMetまでのアミノ酸配列から成り、ガンキリンの生物学的活性を有するポリペプチドを提供する。

本発明はまた、配列番号:4に示す1位のMetから231位のMetまでのアミノ酸配列において1又は複数個のアミノ酸の欠失、付加及び/又は他のアミノ酸による置換により修飾されたアミノ酸配列から成り、且つガンキリンの生物学的活性を維持しているポリペプチドを提供する。

本発明はまた、配列番号:3に示す塩基配列を有するDNAと、ストリンジェントな条件下でハイブリダイズすることができるDNAによりコードされており、且つガンキリンの生物学的性質を有するポリペプチドを提供する。ストリンジェントな条件とは、例えば65℃、0.1×SSC及び0.1%SDSにより与えられる条件である。

本発明はまた、配列番号: 4 に示す 1 4 位の A 1 a から 2 3 1 位の M e t までのアミノ酸配列から成り、且つガンキリンの生物学的活性を有するポリペプチドをコードする D N A、配列番号: 4 に示す 1 4 位の A 1 a から 2 3 1 位の M e t までのアミノ酸配列において 1 又は複数個のアミノ酸の欠失、付加及び/又は他のアミノ酸による置換により修飾されたアミノ酸配列から成り、且つガンキリンの生物学的活性を維持しているポリペプチドをコードする D N A と、ストリンジェントな条件下でハイブリダイズすることができる D N A によりコードされており、且つガンキリンの生物学的性質を有するポリペプチドされており、且つガンキリンの生物学的性質を有するポリペプチドにシグナル配列が付加されたシグナル付加ポリペプチドを提供する。ストリンジェントな条件とは、例えば 6 5 ℃、 0 . 1 × S S C 及び 0 . 1 % S D S により与えられる条件である。

本発明はまた、配列番号:6に示す14位のAlaから231位のMetまでのアミノ酸配列から成り、且つガンキリンの生物学的活性を有するポリペプチドを提供する。

本発明はまた、配列番号:6に示す14位のA1aから231位のMetまでのアミノ酸配列において1又は複数個のアミノ酸の欠失、付加及び/又は他のアミノ酸による置換により修飾されたアミノ酸配列から成り、且つガンキリンの生物学的活性を維持しているポリペプチドを提供する。

本発明はまた、配列番号:6に示す1位のMetから231位のMetまでのアミノ酸配列から成り、ガンキリンの生物学的活性を有するポリペプチドを提供する。

本発明はまた、配列番号:6に示す1位のMetから231位のMetまでのアミノ酸配列において1又は複数個のアミノ酸の欠失、付加及び/又は他のアミノ酸による置換により修飾されたアミノ

酸配列から成り、且つガンキリンの生物学的活性を維持しているポ リペプチドを提供する。

本発明はまた、配列番号:5に示す塩基配列を有するDNAと、ストリンジェントな条件下でハイブリダイズすることができるDNAによりコードされており、且つガンキリンの生物学的性質を有するポリペプチドを提供する。ストリンジェントな条件とは、例えば65℃、0.1×SSC及び0.1%SDSにより与えられる条件である。

本発明はまた、配列番号:6に示す14位のA1aから231位のMetまでのアミノ酸配列から成り、且つガンキリンの生物学的活性を有するポリペプチドをコードするDNA、配列番号:6に示す14位のA1aから231位のMetまでのアミノ酸配列において1又は複数個のアミノ酸の欠失、付加及び/又は他のアミノ酸の欠失、付加及び/又は他のアミノ酸による置換により修飾されたアミノ酸配列から成り、且つガンキリンの生物学的活性を維持しているポリペプチドをコードするDNAと、ストリンジェントな条件下でハイブリダイズすることができるDNAによりコードされており、且つガンキリンの生物学的性質を有するポリペプチドされており、且つガンキリンの生物学的性質を有するポリペプチドされており、且つガンキリンの生物学的性質を有するポリペプチドにシグナル配列が付加されたシグナル付加ポリペプチドを提供する。ストリンジェントな条件とは、例えば65℃、0.183C及び0.1%SDSにより与えられる条件である。

本発明はまた、前記のポリペプチドと他のペプチド又はポリペプ チドとから成る融合ポリペプチドを提供する。

本発明はまた、前記のポリペプチドをコードするDNAを提供する。

本発明はまた、前記のDNAを含んで成るベクターを提供する。 本発明はまた、前記のベクターにより形質転換された宿主を提供

する。

本発明はまた、前記のポリペプチドの製造方法であって、該ポリペプチドをコードするDNAを含んで成る発現ベクターにより形質転換された宿主を培養し、該培養物から目的ポリペプチドを採取することを特徴とする方法を提供する。

本発明はまた、前記のポリペプチドに対して特異的に反応する抗体を提供する。この抗体は好ましくはモノクローナル抗体又はポリクローナル抗体である。

本発明はまた、前記の抗体と、ガンキリンポリペプチドが含まれると予想される試料とを接触せしめ、前記抗体とガンキリンポリペプチドとの免疫複合体の生成を検出又は測定することを含んで成るガンキリンポリペプチドの検出又は測定方法を提供する。

本発明はまた、配列番号:1に示される塩基配列のいずれかの箇所にハイブリダイズするアンチセンスオリゴヌクレオチドを提供する。

本発明はまた、配列番号:1に記載の塩基配列中の連続する少なくとも20個以上のヌクレオチドに対するアンチセンスオリゴヌクレオチドを提供する。前記連続する少なくとも20個以上のヌクレオチドに対するアンチセンスオリゴヌクレオチドは好ましくは翻訳開始コドンを含む。

本発明はまた、前記アンチセンスオリゴヌクレオチドを有効成分として含有してなるガンキリンポリペプチドの発現阻害剤を提供する。

本発明はまた、ガンキリンポリペプチドとRbとの結合に対する ガンキリンポリペプチドのアゴニスト又はアンタゴニストのスクリ ーニング方法において、Rbの存在下でガンキリンポリペプチド又 はガンキリンポリペプチド含有物と、ガンキリンポリペプチドのア ゴニスト又はアンタゴニストを含むと予想される試料とを接触せしめ、そして遊離のガンキリンポリペプチド又はRbを検出する、ことを特徴とする方法を提供する。前記ガンキリン含有物は、例えばガンキリンを発現する細胞の溶解物である。

本発明はまた、ガンキリンポリペプチドとNFRBとの結合に対するガンキリンポリペプチドのアゴニスト又はアンタゴニストのスクリーニング方法において、NFRBの存在下でガンキリンポリペプチド又はガンキリンポリペプチド含有物と、ガンキリンポリペプチドのアゴニスト又はアンタゴニストを含むと予想される試料とを接触せしめ、遊離のガンキリンポリペプチド又はNFRBを検出する、ことを特徴とする方法を提供する。前記ガンキリン含有物は、例えばガンキリンを発現する細胞の溶解物である。

図面の簡単な説明

図1はヒトのX染色体上のガンキリン遺伝子の位置を示す模式図である。

図2は、ヒトリンパ球中の染色体上のガンキリン遺伝子をイン・ サイチュー・ハイブリダイゼーション法により蛍光染色して検出し たことを示す写真である。

図3は、5人の肝癌患者(1~5)の正常肝組織(N)及び肝癌組織(T)からのmRNAをヒトガンキリンcDNAをプローブとしてノザン法により検出した結果を示す電気泳動図である。

図4は、種々のヒト細胞系のmRNAをヒトガンキリンcDNAをプローブとしてノザン法により検出した結果を示す電気泳動図である。

図 5 は、種々の正常組織中のmRNAをヒトガンキリンcDNAをプローブとしてノザン法により検出した結果を示す電気泳動図で

ある。

図 6 は、 3 人の肝癌患者 (1~3) の正常肝組織 (N) 及び肝癌 組織 (T) からの細胞溶解物中のガンキリンポリペプチドを、抗ガ ンキリンポリペプチド抗体を用いてウエスタンブロット法で検出し た結果を示す電気泳動図である。

図7は、種々のヒト細胞系からの細胞溶解物中のガンキリンポリペプチドを、抗ガンキリンポリペプチド抗体を用いてウエスタンブロット法で検出した結果を示す電気泳動図である。

図8のAは、インビトロ翻訳されたガンキリン遺伝子生成物を図6と同様にして検出した結果を示し、Bはインビトロ翻訳されたガンキリン遺伝子生成物(未標識)を図6と同様にして検出した結果を示す電気泳動図である。

図9は、ガンキリンポリペプチドとGSTとの融合ポリペプチドを大腸菌で発現させ、種々の抗体により検出した結果を示す電気泳動図である。

図10は、ガンキリンポリペプチドとHAとの融合ポリペプチドを293細胞において発現させ、種々の抗体により検出した結果を示す電気泳動図である。

図11は、ガンキリンポリペプチドとHAとの融合ポリペプチドを293細胞において発現させ、種々の抗体により検出した結果を示す電気泳動図である。

図12は、NIH/3T3細胞の種々の細胞周期におけるmRNAをマウスガンキリンcDNAをプローブとしてノザン法により検出した結果を示す電気泳動図である。

図13は、種々の濃度で増殖したNIH/3T3細胞のmRNAを、図12と同様にして検出した結果を示す電気泳動図である。

図14は、マウスにおける部分的肝切除後の肝再生過程における

肝組織のmRNAを、図12と同様にして検出した結果を示す電気 泳動図である。

図15は種々の蛋白質中のアンキリンリピートの位置と反復数を示す図である。

発明の実施の形態

本発明によれば、ガンキリンポリペプチドとは、ガンキリンの生物学的活性を有するポリペプチドを意味する。ガンキリンの生物学的活性とは癌原性であり、その具体的な作用は実施例 4 に示すとおり、細胞の軟寒天中でのコロニー形成能の増加、マウスにおける造腫瘍能及びアポトーシス誘導の抑制である。

本発明のガンキリン遺伝子又はそのcDNAは、肝癌細胞又は肝癌組織を取得源としてスクリーニングを行い、遺伝子又はそのcDNAを得ることができる。遺伝子又はそのcDNAのスクリーニング方法又は単離方法としては、サブトラクション法(Nucleic Acids Research(1988)16,10937)、ディファレンシャル・ハイブリダイゼーション法(Cell (1979)16,443-452)等、発現量の変化する遺伝子を選択的にスクリーニングできる方法を用いることができる。

本発明のガンキリンポリペプチドをコードする遺伝子は、例えば、正常肝組織から調製した c D N A ライブラリーと、肝癌組織から調製した c D N A ライブラリーとのサブトラクション法により、肝癌組織では転写されているが正常組織では転写されていない m R N A に由来する c D N A を選択することにより得られる。

例えば、サブトラクション法は、肝癌組織又は正常肝組織から得られた c D N A をプライマーにより増幅する。正常肝組織を増幅するためのプライマーは標識化合物、例えばビオチンで標識する。次いで、過剰量の正常肝組織由来の二本鎖 c D N A と少量の肝癌組織

由来の二本鎖 c D N A とを混ぜ、熱変性することにより一本鎖にして、これを二本鎖にもどす。肝癌組織由来の c D N A のうち、正常肝組織にも発現していたものは、そのほとんどが過剰に存在する正常肝組織由来の c D N A と二本鎖を形成し、標識を持つようになる。

しかしながら、肝癌組織に由来する c D N A 同士が二本鎖を形成すると、標識を持たない。そこで、標識を有する c D N A 二本鎖 D N A を除去すれば、肝癌組織に特異的な c D N A が得られる。この操作を繰り返すことにより肝癌組織に特異的な c D N A を濃縮することができる。この具体的な方法は、実施例 1 に示す。さらに得られた c D N A が を そ の c D N A を で の で の で で と し て 用 い て 、 ガンキリンポリペプチドを 発現する 細胞又は組織及びガンキリンポリペプチドを 発現しない 細胞又は組織の m R N A に 対して ノーザンブロッティングを 行うことにより、 選択した 遺伝子の m R N A が 特異的に 発現していることを確認することができる。

上記のように得られたcDNA又はcDNA断片をプローブとして、cDNA ライブラリーをスクリーニングすることにより異なる細胞、組織、臓器又は種からガンキリン遺伝子を得ることができる。また、得られたcDNAの塩基配列を決定することにより、ガンキリン遺伝子産物のポリペプチドをコードする翻訳領域を決定でき、このポリペプチドのアミノ酸配列を得ることができる。また、得られたcDNAをプローブとしてジェノミックDNA ライブラリーをスクリーニングすることにより、染色体DNA を単離することができる。

cDNAライブラリーやジェノミックDNA ライブラリー等のDNA ライブラリーは、例えばSambrook, J. et al., Molecular Cloning、Co ld Spring Harbor Laboratory Press (1989)に記載の方法により調製してもよいし、市販のDNA ライブラリーを用いてもよい。

本発明の遺伝子もしくはDNAは、その塩基配列又はその一部が明らかな場合、それをプライマーとしてPCR法を用いることにより得ることができる。

本発明のガンキリンポリペプチドはまた、配列番号:1に示す塩 基配列を有する核酸とストリンジェントな条件下でハイブリダイズ するDNAによりコードされており、且つガンキリンの生物学的活 性を有するポリペプチドを含む。

ストリンジェントな条件としては、低ストリンジェントな条件が挙げられる。低ストリンジェントの条件とは、例えば 50%、 $2\times$ SSC 、 0.1%SDSである。またより好ましくは、高ストリンジェントな条件が挙げられる。高ストリンジェントな条件とは、例えば 65%、 $0.1\times SSC$ 及び 0.1%SDS が挙げられる。

上記のハイブリダイズするDNAは好ましくは天然由来のDNA、例えばcDNA又はジェノミックDNAであってよい。配列番号:2に示したアミノ酸配列、配列番号:1に示した塩基配列について、既知DNA データベース(GenBank 、EMBL)及び蛋白質データベース(SWISS-PLOT)に含まれる全ての配列に対して相同性検索を行った結果、一致するものは見いだせなかった。このことから本発明の遺伝子とその遺伝子産物であるポリペプチドは新規な分子であることが明らかとなった。

実施例1に示すごとく、本発明の新規なガンキリンポリペプチドの c D N A とハイブリダイズする遺伝子は、本発明においてヒト以外の動物、例えばラット、マウス等にも広く分布し、またヒトの種々の組織にも分布していることが判明した。従って、上記の天然由来の D N A は、例えば実施例 1 においてヒトガンキリンポリペプチドの c D N A とハイブリダイズする m R N A が検出される組織由来の c D N A やジェノミック D N A であってもよい。

本発明はまた、上記のごとく配列番号: 2 に示す塩基配列を有する核酸とハイブリダイズし且つガンキリンの活性を有するポリペプチドをコードする DNA を包含する。この DNA も、前記の方法により発現させることができる。このようなガンキリンポリペプチドを得るために、ガンキリン遺伝子の塩基配列に所望の変異を導入するには合成オリゴヌクレオチドプライマーを利用することができる(Mark, D. F. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA(1984)81、5662-5666、2011er, M. J. & Smith, M. Nucleic Acids Research(1982)10、6487-6500、Wang, A. et al., Science 224、1431-1433、Dalbadie-McFarland, G. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA(1982)79、6409-6413)。

また、ガンキリンポリペプチドをコードする c D N A やジェノミック D N A の他、合成 D N A であってもよい。具体的には、配列番号:2 で表されるアミノ酸配列を有するガンキリンをコードする D N A が挙げられ、例えば配列番号:1 で表される塩基配列を有する D N A が用いられる。これらの D N A は、それ自体公知の遺伝子工学的手法を用いて製造することもできる。

後述の実施例 1 で得られたプラスミドpBS-t4-11 を保持する形質 転換体大腸菌はEscherichia coli DH5a (pBS-t4-11) と命名され 、平成9 (1997) 年9月29日に工業技術院生命工学工業技術 研究所(茨城県つくば市東1丁目1番3号) に寄託番号FERM BP-6128として寄託されている。

本発明のガンキリンポリペプチドとしては、例えば配列番号:2 で表されるアミノ酸配列と同一もしくは実質的に同一のアミノ酸配列を有するガンキリンポリペプチド等が挙げられる。具体的には、 配列番号:2で表されるアミノ酸配列を有するガンキリンの他、配 列番号:2で表されるアミノ酸配列中の1又は2個以上、好ましく は、2個以上30個以下、より好ましくは2個以上10個以下のアミノ酸が欠失したもの、配列番号:2で表されるアミノ酸配列に1 又は2個以上、好ましくは、2個以上30個以下、より好ましくは2個以上10個以下のアミノ酸が付加したもの、配列番号:2で表されるアミノ酸配列中の1又は2個以上、好ましくは、2個以上30個以下、より好ましくは2個以上10個以下のアミノ酸が他のアミノ酸で置換されたものが挙げられる。

また、本発明にはガンキリンの生物学的活性を有し、且つ配列番号:2に示されるアミノ酸配列を有するポリペプチドと相同なポリペプチドも含まれる。相同なポリペプチドとは配列番号:2のアミノ酸配列とは、一般に少なくとも20個、好ましくは30個の連続したアミノ酸残基で、少なくとも70%、好ましくは少なくとも80%、より好ましくは少なくとも95%以上、アミノ酸配列上の相同性を有するポリペプチドを意味する。

本発明のガンキリンポリペプチドは、後述するそれを産生する細胞や宿主あるいは精製方法により、アミノ酸配列、分子量、等電点又は糖鎖の有無や形態が異なっている。しかしながら、得られたガンキリンポリペプチドが天然のガンキリンポリペプチドと実質的に同質の活性を有するものである限り本発明に含まれる。ガンキリンポリペプチドと実質的に同質の活性としては、後述の実施例4に記載される癌原性、例えば細胞の軟寒天中でのコロニー形成能の増加、マウスにおける造腫瘍能及びアポトーシス誘導の抑制が挙げられる。実質的に同質とは、癌原性等が性質的に同質であることを示す

本発明のガンキリンポリペプチドの部分ペプチドとしては、例えばガンキリンの分子のうち、疎水性プロット解析から推定される疎水性領域や親水性領域の1つあるいは複数の領域を含む部分ペプチ

ドが挙げられる。これらの部分ペプチドは1つの疎水性領域の一部 あるいは全部を含んでいてもよいし、1つの親水性領域の一部ある いは全部を含んでいてもよい。

本発明のガンキリンポリペプチドの部分ペプチドは、自体公知のペプチド合成法に従って、あるいは本発明のガンキリンポリペプチドを適切なペプチダーゼで切断することによって製造することができる。ペプチド合成法としては、たとえば固相合成法、液相合成法のいずれによっても良い。

また反応後は通常の精製法、例えば溶媒抽出、蒸留、カラムクロマトグラフィー、高速液体クロマトグラフィー、再結晶を組合わせて本発明の部分ペプチドを単離精製することができる。

前記のように構築したDNAは、公知の方法により発現させ、ガンキリンポリペプチドを取得することができる。哺乳類細胞を使用する場合、常用される有用なプロモーター/エンハンサー、発現される遺伝子、その3'側下流にポリA シグナルを機能的に結合させたDNA あるいはそれを含むベクターにより発現させることができる。例えばプロモーター/エンハンサーとしては、ヒトサイトメガロウィルス前期プロモーター/エンハンサー (human cytomegalovirus immediate early promoter/enhancer)を挙げることができる。

また、その他にガンキリンポリペプチド発現に使用できるプロモーター/エンハンサーとして、レトロウィルス、ポリオーマウィルス、アデノウィルス、シミアンウィルス40(SV 40)等のウィルスプロモーター/エンハンサーやヒトエロンゲーションファクター1α(HEF1α)の哺乳類細胞由来のプロモーター/エンハンサーを用いればよい。

例えば、SV 40 プロモーター/エンハンサーを使用する場合、Mulliganらの方法(Nature(1979)277, 108)、また、HEF1 α プロモ

ーター/エンハンサーを使用する場合、Mizushima らの方法(Nucleic Acids Res. (1990) 18, 5322) に従えば容易に実施することができる。

大腸菌の場合、常用される有用なプロモーター、ポリペプチド分泌のためのシグナル配列、発現させる遺伝子を機能的に結合させて発現させることができる。例えばプロモーターとしては、lac2プロモーター、araBプロモーターを挙げることができる。lac2プロモーターを使用する場合、Wardらの方法(Nature(1098)341,544-546;FASEB J.(1992)6,2422-2427)、araBプロモーターを使用する場合、Betterらの方法(Science(1988)240,1041-1043)に従えばよい。

ガンキリンポリペプチド分泌のためのシグナル配列としては、大腸菌のペリプラズムに産生させる場合、pelBシグナル配列(Lei, S. P. et al J. Bacteriol. (1987) 169, 4379)を使用すればよい

複製起源としては、SV 40、ポリオーマウィルス、アデノウィルス、ウシパピローマウィルス(BPV)等の由来のものを用いることができる。さらに、宿主細胞系で遺伝子コピー数増幅のため、発現ベクターは選択マーカーとして、アミノグリコシドトランスフェラーゼ(APH)遺伝子、チミジンキナーゼ(TK)遺伝子、大腸菌キサンチングアニンホスホリボシルトランスフェラーゼ(Ecogpt)遺伝子、ジヒドロ葉酸還元酵素(dhfr)遺伝子等を含むことができる。

本発明において、ガンキリンポリペプチドの製造のために、任意の産生系を使用することができる。ガンキリンポリペプチド製造のための産生系は、in vitroおよびin vivo の産生系がある。in vitroの産生系としては、真核細胞を使用する産生系や原核細胞を使用する産生系が挙げられる。

真核細胞を使用する場合、動物細胞、植物細胞、真菌細胞を用いる産生系がある。動物細胞としては、(1) 哺乳類細胞、例えばCHO (J. Exp. Med. (1995) 108, 945)、COS、ミエローマ、BHK (baby hamster kidney)、HeLa、Vero、(2) 両生類細胞、例えばアフリカツメガエル卵母細胞(Valle, et al., Nature (1981) 291, 358-340)、あるいは(3) 昆虫細胞、例えばsf9、sf21、Tn5 が知られている。CHO 細胞としては、特にDHFR遺伝子を欠損したCHO 細胞であるdhfr-CHO (Proc. Natl. Acad. Sci. USA (1980) 77, 4216-4220)やCHO K-1 (Proc. Natl. Acad. Sci. USA (1968) 60, 1275)を好適に使用することができる。

植物細胞としては、Nicotiana tabacum 由来の細胞が知られており、これをカルス培養すればよい。真菌細胞としては、酵母、例えばサッカロミセス(Saccharomyces)属、例えばサッカロミセス・セレビシエ(Saccharomyces cerevisiae)、糸状菌、例えばアスペルギウス属(Aspergillus)属、例えばアスペルギウス・ニガー(Aspergillus niger)が知られている。

原核細胞を使用する場合、細菌細胞を用いる産生系がある。細菌細胞としては、大腸菌(E. coli)、枯草菌が知られている。

これらの細胞を目的とするDNAにより形質転換し、形質転換された細胞をin vitroで培養することによりガンキリンポリペプチドが得られる。培養は、公知の方法に従い行う。例えば、培養液として、DMEM、MEM 、RPMI1640、IMDMを使用することができる。その際、牛胎児血清(FCS)等の血清補液を併用することもできるし、無血清培養してもよい。培養時のpHは約6~8であるのが好ましい。培養は通常約30~40℃で約15~200時間行い、必要に応じて培地の交換、通気、撹拌を加える。

一方、in vivo の産生系としては、動物を使用する産生系や植物

を使用する産生系が挙げられる。これらの動物又は植物に目的とする DNAを導入し、動物又は植物の体内でガンキリンポリペプチドを産生させ、回収する。本発明における「宿主」とは、これらの動物、植物を包含する。

動物を使用する場合、哺乳類動物、昆虫を用いる産生系がある。 哺乳類動物としては、ヤギ、ブタ、ヒツジ、マウス、ウシを用い ることができる(Vicki Glaser, SPECTRUM Biotechnology Applica tions, 1993)。また、哺乳類動物を用いる場合、トランスジェニ ック動物を用いることができる。

例えば、目的とするDNAをヤギβカゼインのような乳汁中に固有に産生される蛋白質をコードする遺伝子の途中に挿入して融合遺伝子として調製する。このDNAが挿入された融合遺伝子を含むDNA 断片をヤギの胚へ注入し、この胚を雌のヤギへ導入する。胚を受容したヤギから生まれるトランスジェニックヤギ又はその子孫が産生する乳汁からガンキリンポリペプチドを得る。トランスジェニックヤギから産生されるガンキリンポリペプチドを含む乳汁量を増加させるために、適宜ホルモンをトランスジェニックヤギに使用してもよい。(Ebert、K.M. et al., Bio/Technology(1994)12、699-702)。

また、昆虫としては、例えばカイコを用いることができる。カイコを用いる場合、目的とするDNAを挿入したバキュロウィルスをカイコに感染させ、このカイコの体液より所望のガンキリンポリペプチドを得る(Susumu, M. et al., Nature(1985)315,592-594)。

さらに植物を使用する場合、例えばタバコを用いることができる。タバコを用いる場合、目的とするDNAを植物発現用ベクター、例えばpMON 530に挿入し、このベクターをAgrobacterium tumefaci

ens のようなバクテリアに導入する。このバクテリアをタバコ、例えばNicotiana tabacum に感染させ、本タバコの葉より所望のポリペプチドを得る(Julian, K.-C. Ma et al., Eur. J. Immunol. (1994) 24, 131-138)。宿主への発現ベクターの導入方法としては、公知の方法、例えばリン酸カルシウム法(Virology(1973)52, 456-467)やエレクトロポレーション法(EMBO J. (1982) 1, 841-845)等が用いられる。また、発現に使用する宿主のコドン使用頻度を考慮して、より発現効率の高い配列を設計することができる(Grantham, R. et al., Nucelic Acids Research (1981) 9, r43-r74)。

このようにして得られたガンキリン遺伝子産物がガンキリンの生物学的活性を有していることは、例えば次ぎのようにして確認することができる。例えば、後述の実施例 4 に記載されている方法を用い、ガンキリンポリペプチド産生細胞を軟寒天中で培養する。ガンキリンポリペプチド発現細胞は軟寒天中でコロニー形成能が増加している。また、ガンキリンポリペプチド発現細胞をマウスに移植する。ガンキリンポリペプチド発現細胞はマウス体内で造腫瘍能を示す。また、ガンキリンポリペプチド発現細胞をアポトーシス誘導条件下におく。ガンキリンポリペプチド発現細胞はアポトーシス誘導を抑制する。

上記で得られたガンキリンポリペプチドは、細胞内外、宿主から 単離し実質的に純粋で均一なポリペプチドとして精製することがで きる。ガンキリンポリペプチドの分離、精製は、通常の蛋白質の精 製で使用されている分離、精製方法を使用すればよく、何ら限定さ れるものではない。例えば、クロマトグラフィーカラム、フィルタ ー、限外濾過、塩析、溶媒沈殿、免疫沈降、SDS-ポリアクリル アミドゲル電気泳動、等電点電気泳動法、透析等を適宜選択、組み

合わせればガンキリンポリペプチドを分離、精製することができる -

クロマトグラフィーとしては、例えばアフィニティークロマトグラフィー、イオン交換クロマトグラフィー、疎水性クロマトグラフィー、呼水濾過、逆相クロマトグラフィー、吸着クロマトグラフィー等が挙げられる(Strategies for Protein Purification and Characterization: A Laboratory Course Manual. Ed Daniel R. Marshak et al., Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1996)。これらのクロマトグラフィーは、液相クロマトグラフィー、例えばHPLC、FPLC等の液相クロマトグラフィーを用いて行うことができる。なお、ガンキリンポリペプチドを精製前又は精製後に適当なタンパク修飾酵素を作用させることにより、任意に修飾を加えたり部分的にペプチドを除去することもできる。タンパク修飾酵素としては、トリプシン、キモトリプシン、リシルエンドペプチダーゼ、プロティンキナーゼ、グルコシダーゼ、プロティンキナーゼ、グルコシダーゼが用いられる。

本発明のガンキリンポリペプチドは、スクリーニング方法に使用されるために有用である。すなわち、Rb (DeCaprio, J. A. et al., Cell (1989) 58, 1085-1095)の存在下でガンキリンポリペプチド又はガンキリンポリペプチド含有物と、ガンキリンポリペプチドのアゴニスト又はアンタゴニストを含むと予想される試料とを接触せしめ、そして遊離のガンキリンポリペプチドのアゴニスト又は関定する、ことからなるガンキリンポリペプチドのアゴニスト又はガンキリンアンタゴニストのスクリーニング方法;又は、NF κ B (Baeuerle, P. A. et al., Cell (1988) 53, 211-217)の存在下でガンキリンポリペプチド又はガンキリンポリペプチド含有物と、ガンキリンポリペプチドのアゴニスト又はアンタゴニストを含むと予想

される試料とを接触せしめ、そして遊離のガンキリンポリペプチド 又はNFκBを検出又は測定する、ことからなるガンキリンポリペ プチドのアゴニスト又はガンキリンアンタゴニストのスクリーニン グ方法において使用されるために有用である。

これらのスクリーニング方法に用いられるガンキリンポリペプチドは組換え型、天然型のいずれであっても使用し得る。また、Rb又はNFκBとの結合性を維持している限り、ガンキリンポリペプチドの部分ペプチドであってもよい。ガンキリンポリペプチド含有物としては、ガンキリンポリペプチドを発現する細胞の溶解物が挙げられる。

すなわち、本発明は、Rbの存在下で、ガンキリンポリペプチド 又はガンキリンポリペプチド含有物と、ガンキリンポリペプチドの アゴニスト又はアンタゴニストを含むと予想される試料とを接触せ しめた場合と、ガンキリンポリペプチド又はガンキリンポリペプチ ド含有物と、ガンキリンポリペプチドのアゴニスト又はアンタゴニ ストを含まない試料を接触せしめた場合の、検出又は測定された遊 離のガンキリンポリペプチド又はRbを比較することから成るガン キリンポリペプチドのアゴニスト又はアンタゴニストのスクリーニ ング方法に係わる。

本発明はまた、NFκBの存在下で、ガンキリンポリペプチド又はガンキリンポリペプチド含有物と、ガンキリンポリペプチドのアゴニスト又はアンタゴニストを含むと予想される試料とを接触せしめた場合と、ガンキリンポリペプチドのアゴニスト又はアンタゴニストマはアンタゴニストを含まない試料を接触せしめた場合の、検出又は測定された遊離のガンキリンポリペプチド又はNFκBを比較することから成るガンキリンポリペプチドのアゴニスト又はアンタゴニストのスクリー

ニング方法に係わる。

これらのスクリーニング方法において、遊離のガンキリンポリペプチド、R b 又はN F κ B を検出又は測定するためには、例えばだンキリンポリペプチド、R b 又はN F κ B を標識化合物、例えばビオチン、アビディン、放射性同位元素、例えば $\left[\begin{array}{c} 1 & 2 & 5 \\ 1 & 1 \end{array} \right]$ 、 $\left[\begin{array}{c} 3 &$

具体的には、ガンキリンポリペプチドを支持体、例えばビーズ、プレートに固定し、Rb又はNFκBの存在下でガンキリンポリペプチドのアゴニスト又はアンタゴニストを含むと予想される試料を加え、インキュベートの後、溶液中に含まれるRb又はNFκBを抗体により検出又は測定すればよい。また、遊離のRb又はNFκBを検出又は測定するために、プレートに固定したガンキリンポリペプチドに結合したRb又はNFκBを検出又は測定してもよい。

その際、ガンキリンポリペプチドを他のペプチド又はポリペプチドと遺伝子工学的に融合させた融合ポリペプチドを用いることができる。融合に付される他のペプチド又はポリペプチドとしてはHA(ヘモグルアチニン)、FLAG等が挙げられ、遊離のガンキリンポリペプチドをこれら融合に付される他のペプチド又はポリペプチドに対する抗体を用いて検出又は測定することができる。したがって、ガンキリンポリペプチドを他のペプチド又はポリペプチドと遺伝子工学的に融合させた融合ポリペプチドは、本発明において有用

である。

本発明のスクリーニング方法で使用されるガンキリンポリペプチドのアゴニスト又はアンタゴニストを含むと予想される試料としては、例えばペプチド、タンパク質、非ペプチド性化合物、合成化合物、微生物発酵生産物、海洋生物抽出液、植物抽出液、細胞抽出液、動物組織抽出液が挙げられる。これらの試料は新規な物質であってもよい。

本発明のスクリーニング方法は、癌原性を有するガンキリンポリペプチドのアゴニスト又はアンタゴニストを検出又は測定することができるため有用である。

ガンキリンポリペプチドは、本発明においてRb又はNFκBと相互作用することが見いだされた。ガンキリンポリペプチドは癌原性を有することから、ガンキリンポリペプチドとRb又はNFκBとの結合を調節するガンキリンポリペプチドのアゴニスト又はアンタゴニストは医薬品として有用である。

具体的には、上記のスクリーニング方法を実施するには、まず、本発明のガンキリンポリペプチド又はガンキリンポリペプチド含有物を、スクリーニングに適した緩衝液に懸濁し、プレートに固定することによりガンキリンポリペプチド標品を調製する。

緩衝液としては、ガンキリンポリペプチドの結合を阻害しないものであれば何でもよく、例えばpH6~8のリン酸緩衝液、トリスー塩酸緩衝液、PBS、HBSSが用いられる。また、非特異的結合を低減させる目的で、ウシ血清アルブミンのタンパク質、CHAPSやTween80TM、ジギトニン等の界面活性剤を加えることもできる。さらに、タンパク質分解酵素によるガンキリンポリペプチドの分解を抑えるために、PMSF、ペプスタチン、ロイペプチン等のタンパク質分解酵素阻害剤を添加することもできる。

次いで、該ガンキリンポリペプチド標品に、放射性同位元素により標識したRb又はNFkBと適当な濃度の試料を同時に添加し、約0~50℃(望ましくは約4~37℃)で、約0.5~24時間(望ましくは約0.5~3時間)反応させる。反応後、適量の緩衝液で洗浄したのち該ガンキリンポリペプチド標品に残存する放射線量をガンマカウンター又は液体シンチレーションカウンターで測定する。このとき、ガンキリンポリペプチド標品に対する非特異的な結合を測定するために、ガンキリンポリペプチドと相互作用しない別のポリペプチドを同様に標識して添加したガンキリンポリペプチド標品を調製する。また、試料を含まない緩衝液を添加したガンキリンポリペプチド標品をネガティブコントロールとする。

試料を含むときの残存放射線量から非特異的結合量を差し引いた値が特異的結合量である。反応液に試料を添加しない場合に比べて、この特異的結合量を低下させる試料をガンキリンポリペプチドのアゴニスト又はアンタゴニストの候補物質として選択することができる。

本発明のスクリーニング方法を用いて得られるガンキリンポリペプチドのアゴニスト又はアンタゴニストは、スクリーニング方法を用いて試料、例えばペプチド、タンパク質、非ペプチド性化合物、合成化合物、微生物発酵生産物、海洋生物抽出液、植物抽出液、細胞抽出液、動物組織抽出液をスクリーニングすることができる。これらの試料は新規な物質であってもよいし、公知の物質であってもよい。

これらのガンキリンポリペプチドのアゴニスト又はアンタゴニストは、ガンキリンポリペプチドとRb又はNFκBとの結合を阻害する物質である。本発明のスクリーニング方法を用いて得られるガンキリンポリペプチドのアゴニスト又はアンタゴニストの構造の一部

を、付加、欠失あるいは置換により変換される物質も本発明のスク リーニング方法を用いて得られるガンキリンポリペプチドのアゴニ スト又はアンタゴニストに含まれる。

本発明のスクリーニング方法を用いて得られるガンキリンポリペプチドのアゴニスト又はアンタゴニストをヒトや哺乳動物、例えばマウス、ラット、モルモット、ウサギ、ニワトリ、ネコ、イヌ、ヒツジ、ブタ、ウシ、サル、マントヒヒ、チンパンジーの医薬として使用する場合、常套手段に従って実施することができる。

例えば必要に応じて糖衣を施した錠剤、カプセル剤、エリキシル剤、マイクロカプセル剤として経口的に、あるいは水もしくはそれ以外の薬学的に許容し得る液との無菌性溶液、又は懸濁液剤の注射剤の形で非経口的に使用できる。例えばガンキリンポリペプチドのアゴニスト又はアンタゴニストを生理学的に認められる単体、香味剤、賦形剤、ベヒクル、防腐剤、安定剤、結合剤とともに一般に認められた製薬実施に要求される単位用量形態で混和することによって製造することができる。これら製剤における有効成分量は指示された範囲の適当な容量が得られるようにするものである。

錠剤、カプセル剤に混和することができる添加剤としては、例えばゼラチン、コーンスターチ、トラガントガム、アラビアゴムのような結合剤、結晶性セルロースのような賦形剤、コーンスターチ、ゼラチン、アルギン酸のような膨化剤、ステアリン酸マグネシウムのような潤滑剤、ショ糖、乳糖又はサッカリンのような甘味剤、ペパーミント、アカモノ油又はチェリーのような香味剤が用いらいには、上記の材料にさらに油脂のような液状単体を含有することができる。注射のための無菌組成物は注射用蒸留水のようなベヒクル中の活性物質、胡麻油、椰子油のような天然産出植物油を溶解又は懸濁させるの通常の製剤実施

に従って処方することができる。

注射用の水溶液としては、例えば生理食塩水、ブドウ糖やその他の補助薬を含む等張液、例えばDーソルビトール、Dーマンノース、Dーマンニトール、塩化ナトリウムが挙げられ、適当な溶解補助剤、例えばアルコール、具体的にはエタノール、ポリアルコール、例えばプロピレングリコール、ポリエチレングリコール、非イオン性界面活性剤、例えばポリソルベート80(TM)、HCO-50と併用してもよい。

油性液としてはゴマ油、大豆油があげられ、溶解補助剤として安息香酸ベンジル、ベンジルアルコールと併用してもよい。また、緩衝剤、例えばリン酸塩緩衝液、酢酸ナトリウム緩衝液、無痛化剤、例えば塩化ベンザルコニウム、塩酸プロカイン、安定剤、例えばベンジルアルコール、フェノール、酸化防止剤と配合してもよい。調製された注射液は通常、適当なアンプルに充填させる。

ガンキリンポリペプチドのアゴニスト又はアンタゴニストの投与量は、症状により差異はあるが、経口投与の場合、一般的に成人(体重 6 0 kgとして)においては、1日あたり約 0 . 1 から 1 0 0 mg、好ましくは約 1 . 0 から 2 0 mgである。

非経口的に投与する場合は、その1回投与量は投与対象、対象臓器、症状、投与方法によっても異なるが、例えば注射剤の形では通常成人(体重60kgとして)においては、1日あたり約0.01から30mg、好ましくは約0.1から20mg、より好ましくは約0.1から10mg程度を静脈注射により投与するのが好都合である。他の動物の場合も、体重60kg当たりに換算した量を投与することができる。

本発明の抗ガンキリンポリペプチド抗体は、公知の手段を用いて

モノクローナル抗体又はポリクローナル抗体として得ることができる。

モノクローナル抗体は、ガンキリンポリペプチドを感作抗原として使用して、これを通常の免疫方法にしたがって免疫し、得られる免疫細胞を通常の細胞融合法によって公知の親細胞と融合させ、通常のスクリーニング法により、モノクローナル抗体産生細胞をスクリーニングすることによって作製できる。

具体的には、モノクローナル抗体又はポリクローナル抗体を作製 するには次のようにすればよい。

例えば、抗体取得の感作抗原として使用されるガンキリンポリペプチドは、その由来となる動物種に制限されないが哺乳動物、例えばヒト、マウス又はラット由来のガンキリンポリペプチドが好ましい。これらのヒト、マウス又はラットガンキリンポリペプチドは、本明細書に開示される遺伝子配列を用いて得ることができる。

本発明において、感作抗原として使用されるガンキリンポリペプチドは、本明細書に記載された全てのガンキリンポリペプチドの生物学的活性を有するガンキリンポリペプチドを使用できる。また、ガンキリンポリペプチドの断片も用いることができる。ガンキリンポリペプチドの断片としては、例えばガンキリンポリペプチドのカルボキシ(C)末端断片が挙げられる。本明細書で「抗ガンキリンポリペプチド抗体」とはガンキリンポリペプチドの全長又は断片に特異的に反応する抗体を意味する。

ガンキリンポリペプチド又はその断片をコードする遺伝子を公知の発現ベクター系に挿入して本明細書で述べた宿主細胞を形質転換させた後、その宿主細胞内外又は、宿主から目的のガンキリンポリペプチド又はその断片を公知の方法で得、このガンキリンポリペプチドを感作抗原として用いればよい。また、ガンキリンポリペプチ

ドを発現する細胞又はその溶解物を感作抗原として使用してもよい

感作抗原で免疫される哺乳動物としては、特に限定されるものではないが、細胞融合に使用する親細胞との適合性を考慮して選択するのが好ましく、一般的にはげっ歯目、ウサギ目、霊長目の動物が使用される。

げっ歯目の動物としては、例えば、マウス、ラット、ハムスター等が使用される。ウサギ目の動物としては、例えば、ウサギが使用される。霊長目の動物としては、例えばサルが使用される。サルとしては、狭鼻下目のサル(旧世界ザル)、例えば、カニクイザル、アカゲザル、マントヒヒ、チンパンジー等が使用される。

ここで、ガンキリンポリペプチドに対するポリクローナル抗体を得るには、血清中の所望の抗体レベルが上昇したことを確認した後、抗原を感作した哺乳動物の血液を取り出す。この血液から公知の方法により血清を分離する。ポリクローナル抗体としてポリクローナル抗体を含む血清を使用してもよいし、必要に応じこの血清からポリクローナル抗体を含む血清を使用してもよい。

モノクローナル抗体を得るには、上記抗原を感作した哺乳動物の 血清中に所望の抗体レベルが上昇するのを確認した後に、哺乳動物 から免疫細胞を取り出し、細胞融合に付せばよい。この際、細胞融 合に使用される好ましい免疫細胞として、特に脾細胞が挙げられる 。

前記免疫細胞と融合される他方の親細胞としての哺乳動物のミエローマ細胞としては、既に公知の種々の細胞株、例えば、P3(P3 x 6 3 A g 8 . 6 5 3)(Kearney, J. F. et al., J. Immunol. (1979) 123, 1548-1550)、P3 x 6 3 A g 8 . U 1 (Yelton, D. E et al., Current Topics in Microbiology and Immunology (1978) 81, 1-7)、NS- 1 (Kohler, G. and Milstein, C., Eur. J. Immunol. (1976) 6, 511-519)、MPC- 1 1 (Margulies, D. H. et al., Cell (1976) 8, 405-415)、SP2 / 0 (Shulman, M. et al., Nature (1978) 276, 269-270)、F O (de St. Groth, S. F. and Scheidegger, D., J. Immunol. Methods (1980) 35, 1-21)、S 1 9 4 (Trowbridge, I. S., J. Exp. Med. (1978) 148, 313-323)、R 2 1 0 (Galfre, G. et al., Nature (1979) 277, 131-133)等が好適に使用される。

前記免疫細胞とミエローマ細胞の細胞融合は基本的には公知の方法、例えば、ミルステインらの方法(Galfre, G. and Milstein, C., Methods Enzymol. (1981) 73, 3-46) 等に準じて行うことができる。

より具体的には、前記細胞融合は例えば、細胞融合促進剤の存在下に通常の栄養培養液中で実施される。融合促進剤としては例えば、ポリエチレングリコール(PEG)、センダイウィルス(HVJ)等が使用され、更に所望により融合効率を高めるためにジメチルスルホキシド等の補助剤を添加使用することもできる。

免疫細胞とミエローマ細胞との使用割合は、例えば、ミエローマ細胞に対して免疫細胞を1~10倍とするのが好ましい。前記細胞融合に用いる培養液としては、例えば、前記ミエローマ細胞株の増殖に好適なRPMI1640培養液、MEM培養液、その他、この種の細胞培養に用いられる通常の培養液が使用可能であり、さらに、牛胎児血清(FCS)等の血清補液を併用することもできる。

細胞融合は、前記免疫細胞とミエローマ細胞との所定量を前記培養液中でよく混合し、予め、37℃程度に加温したPEG溶液、例えば、平均分子量1000~6000程度のPEG溶液を通常、30~60%(W/V)の濃度で添加し、混合することによって目的とする融合細胞(ハイブリドーマ)が形成される。続いて、適当な培養液を逐次添加し、遠心して上清を除去する操作を繰り返すことによりハイブリドーマの生育に好ましくない細胞融合剤等を除去できる。

当該ハイブリドーマは、通常の選択培養液、例えばHAT培養液(ヒポキサンチン、アミノプテリンおよびチミジンを含む培養液)で培養することにより選択される。当該HAT培養液での培養は、目的とするハイブリドーマ以外の細胞(非融合細胞)が死滅するのに十分な時間、通常数日~数週間継続する。ついで、通常の限界希釈法を実施し、目的とする抗体を産生するハイブリドーマのスクリーニングおよびクローニングが行われる。

また、ヒト以外の動物に抗原を免疫して上記ハイブリドーマを得る他に、ヒトリンパ球、例えばEBウィルスに感染したヒトリンパ球をin vitroでガンキリンポリペプチド、ガンキリンポリペプチド発現細胞又はその溶解物で感作し、感作リンパ球をヒト由来の永久分裂能を有するミエローマ細胞、例えばU266と融合させ、ガンキリンポリペプチドへの結合活性を有する所望のヒト抗体を産生する

ハイブリドーマを得ることもできる(特開昭63-17688)。

さらに、ヒト抗体遺伝子のレパートリーを有するトランスジェニック動物に抗原となるガンキリンポリペプチド、ガンキリンポリペプチド発現細胞又はその溶解物を免疫して抗ガンキリンポリペプチド抗体産生細胞を取得し、これをミエローマ細胞と融合させたハイブリドーマを用いてガンキリンポリペプチドに対するヒト抗体を取得してもよい(国際特許出願公開番号WO92-03918、WO93-2227、WO94-02602、WO94-25585、WO96-33735およびWO96-34096参照)。

このようにして作製されるモノクローナル抗体を産生するハイブリドーマは、通常の培養液中で継代培養することが可能であり、また、液体窒素中で長期保存することが可能である。

当該ハイブリドーマからモノクローナル抗体を取得するには、当該ハイブリドーマを通常の方法にしたがい培養し、その培養上清として得る方法、あるいはハイブリドーマをこれと適合性がある哺乳動物に移植して増殖させ、その腹水として得る方法などが採用される。前者の方法は、高純度の抗体を得るのに適しており、一方、後者の方法は、抗体の大量生産に適している。

ハイブリドーマを用いて抗体を産生する以外に、抗体を産生する 感作リンパ球等の免疫細胞を癌遺伝子 (oncogene) により不死化さ せた細胞を用いてもよい。

このように得られたモノクローナル抗体はまた、遺伝子組換え技術を用いて産生させた組換え型抗体として得ることができる。例えば、組換え型抗体は、抗ガンキリンポリペプチド抗体遺伝子をハイブリドーマ又は抗体を産生する感作リンパ球等の免疫細胞からクローニングし、適当なベクターに組み込んで、これを宿主に導入し産生させる。本発明には、この組換え型抗体を用いることができる(

例えば、Borrebaeck, C. A. K. and Larrick, J. W., THERAPEUTIC MONOCLONAL ANTIBODIES, Published in the United Kingdom by M ACMILLAN PUBLISHERS LTD, 1990 参照)。

具体的には、抗ガンキリンポリペプチド抗体を産生するハイブリドーマから、抗ガンキリンポリペプチド抗体の可変領域(V領域)をコードするmRNAを単離する。mRNAの単離は、公知の方法、例えば、グアニジン超遠心法(Chirgwin, J. M. et al., Biochemistry (1979) 18,5294-5299)、AGPC法 (Chomczynski, P. and Sacchi, N., Anal. Biochem. (1987) 162,156-159)等により全RNAを調製し、mRNA Purification Kit (Pharmacia)等を使用して全RNAからmRNAを精製する。また、QuickPrepmRNA Purification Kit (Pharmacia)を用いることによりmRNAを直接調製することもできる。

得られたmRNAから逆転写酵素を用いて抗体V領域のcDNAを合成する。cDNAの合成は、AMV Reverse Transcriptase First-strand cDNA Synthesis Kit (生化学工業)等を用いて行うこともできる。また、cDNAの合成および増幅を行うには5′ーAmpliFINDER RACE Kit (Clontech)およびポリメラーゼ連鎖反応(polymerase chain reaction; PCR)を用いた5′ーRACE法(Frohman, M. A. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. (1988) 85,8998-9002; Belyavsky, A. et al., Nucleic Acids Res. (1989) 17,2919-2932)を使用することができる。

得られたPCR産物から目的とするDNA断片を調製し、ベクターDNAと連結する。さらに、これより組換えベクターを作製し、大腸菌等に導入してコロニーを選択して所望の組換えベクターを調製する。目的とするDNAの塩基配列を公知の方法、例えば、ジデオキシヌクレオチドチェインターミネーション法により確認する。

目的とする抗ガンキリンポリペプチド抗体のV領域をコードするDNAが得られれば、これを所望の抗体定常領域(C領域)をコードするDNAと連結し、これを発現ベクターへ組み込む。又は、抗体のV領域をコードするDNAを、抗体C領域のDNAを既に含む発現ベクターに組み込んでもよい。抗体C領域としては、V領域と同じ動物種由来の抗体C領域を用いてもよいし、V領域と異なる動物種由来の抗体C領域を用いてもよい。

本発明で使用される抗ガンキリンポリペプチド抗体を製造するには、抗体遺伝子を発現制御領域、例えば、エンハンサー、プロモーターの制御のもとで発現するよう発現ベクターに組み込む。次に、この発現ベクターにより宿主細胞を形質転換し、抗体を発現させる。

抗体遺伝子の発現は、抗体の重鎖(H鎖)又は軽鎖(L鎖)をコードするDNAを別々に発現ベクターに組み込んで宿主細胞を同時 形質転換させてもよいし、あるいはH鎖およびL鎖をコードするDNAを単一の発現ベクターに組み込んで、宿主細胞を形質転換させてもよい(国際特許出願公開番号WO94-11523参照)。

本発明で使用される抗体は、ガンキリンポリペプチドに結合するかぎり、その抗体断片や抗体修飾物であってよい。例えば、抗体断片としては、Fab、F(ab′)2、Fv又はH鎖とL鎖のFvを適当なリンカーで連結させたシングルチェインFv(scFv)が挙げられる。具体的には、抗体を酵素、例えば、パパイン、ペプシンで処理し抗体断片を生成させるか、又は、これら抗体断片をコードする遺伝子を構築し、これを発現ベクターに導入した後、適当な宿主細胞で発現させる(例えば、Co, M. S. et al., J. Immunol. (1994) 152, 2968-2976; Better, M. and Horwitz, A. H., Methods Enzymol. (1989) 178, 476-496; Pluckthun, A. and Skerra

, A., Methods Enzymol. (1989) 178, 497-515; Lamoyi, E., Methods Enzymol. (1986) 121, 652-663; Rousseaux, J. et al., Methods Enzymol. (1986) 121, 663-669; Bird, R. E. and Walker, B. W., Trends Biotechnol. (1991) 9, 132-137参照)。

scFvは、抗体のH鎖V領域とL鎖V領域を連結することにより得られる。このscFvにおいて、H鎖V領域とL鎖V領域はリンカー、好ましくは、ペプチドリンカーを介して連結される(Huston, J. S. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. (1988) 85, 5879-5883)。scFvにおけるH鎖V領域およびL鎖V領域は、上記抗体として記載されたもののいずれの由来であってもよい。V領域を連結するペプチドリンカーとしては、例えばアミノ酸12~19残基からなる任意の一本鎖ペプチドが用いられる。

scFvをコードするDNAは、前記抗体のH鎖又は、H鎖V領域をコードするDNA、およびL鎖又は、L鎖V領域をコードするDNAを鋳型とし、それらの配列のうちの所望のアミノ酸配列をコードするDNA部分を、その両端を規定するプライマー対を用いてPCR法により増幅し、次いで、さらにペプチドリンカー部分をコードするDNAおよびその両端を各々H鎖、L鎖と連結されるように規定するプライマー対を組み合わせて増幅することにより得られる。

一旦scFvをコードするDNAが作製されれば、それらを含有する発現ベクター、および該発現ベクターにより形質転換された宿主を常法に従って得ることができ、また、その宿主を用いて常法に従って、scFvを得ることができる。

また、抗体断片は、一部の配列が変異、置換、欠失又は挿入を受けた抗体断片であってよい。これら抗体断片は、前記と同様にしてその遺伝子を取得し発現させ、宿主により産生させることができる

。本願特許請求の範囲でいう「抗体」にはこれらの抗体断片も包含される。

抗体修飾物として、ポリエチレングリコール(PEG)等の各種分子と結合した抗ガンキリンポリペプチド抗体を使用することもできる。本願特許請求の範囲でいう「抗体」にはこれらの抗体修飾物も包含される。このような抗体修飾物を得るには、得られた抗体に化学的な修飾を施すことによって得ることができる。これらの方法はこの分野において既に確立されている。

また、本発明の抗ガンキリンポリペプチド抗体は、公知の技術を 使用してキメラ抗体又はヒト型化抗体として得ることができる。

前記のように構築した抗体遺伝子は、公知の方法により発現させ、取得することができる。例えば、本明細書に記載したガンキリンポリペプチドの産生のためのプロモーター/エンハンサーを用いることができる。

本発明の抗ガンキリンポリペプチド抗体の製造のために、任意の産生系を使用することができ、本明細書に記載したガンキリンポリペプチドの産生のための産生系を用いることができる。例えば、抗ガンキリンポリペプチド抗体製造のための産生系は、in vitroおよび in vivoの産生系がある。in vitroの産生系としては、真核細胞を使用する産生系や原核細胞を使用する産生系が挙げられる。 in vivoの産生系としては、動物を使用する産生系や植物を使用する産生系が挙げられる。 動物を使用する場合、哺乳類動物、昆虫を用いる産生系がある。

哺乳類動物としては、ヤギ、ブタ、ヒツジ、マウス、ウシ、例えばそれらのトランスジェニック動物を用いることができる(Glaser, V., SPECTRUM Biotechnology Applications, 1993)。また、昆虫としては、カイコを用いることができる。さらに、植物を使用する

場合、例えばタバコ、例えばニコティアナ タバカム(Nicotiana tabacum) を用いることができる(Ma, J. K. et al., Eur. J. Immun ol. (1994) 24, 131-138)。

これらの動物又は植物に上記のように抗体遺伝子を導入し、動物又は植物の体内で抗体を産生させ、回収する。

上述のようにin vitro又は in vivoの産生系にて抗体を産生する場合、抗体H鎖又はL鎖をコードするDNAを別々に発現ベクターに組み込んで宿主を同時形質転換させてもよい。あるいはH鎖およびL鎖をコードするDNAを単一の発現ベクターに組み込んで、宿主を形質転換させてもよい(国際特許出願公開番号WO94-11523参照)。

前記のように発現、産生された抗体は、細胞内外、宿主から分離 し均一にまで精製することができる。本発明で使用される抗体の分離、精製は通常のタンパク質で使用されている分離、精製方法を使 用すればよく、何ら限定されるものではない。

例えば、アフィニティークロマトグラフィー等のクロマトグラフィーカラム、フィルター、限外濾過、塩析、透析、SDS ポリアクリルアミドゲル電気泳動、等電点電気泳動等を適宜選択、組み合わせれば、抗体を分離、精製することができる(Antibodies: A Laboratory Manual. Ed Harlow and David Lane, Cold Spring Harbor Laboratory, 1988)。

アフィニティークロマトグラフィーに用いるカラムとしては、プロテインAカラム、プロテインGカラムが挙げられる。例えば、プロテインAカラムを用いたカラムとして、Hyper D, POROS, Sephar ose F. F. (Pharmacia) 等が挙げられる。

アフィニティークロマトグラフィー以外のクロマトグラフィーと しては、例えば、イオン交換クロマトグラフィー、 疎水性クロマト

グラフィー、ゲル濾過、逆相クロマトグラフィー、吸着クロマトグラフィー等が挙げられる(Strategies for Protein Purification a nd Characterization: A Laboratory Course Manual. Ed Daniel R. Marshak et al., Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1996)。これらのクロマトグラフィーはHPLC、FPLC等の液相クロマトグラフィーを用いて行うことができる。

上記で得られた抗体の濃度測定は吸光度の測定又は酵素結合免疫吸着検定法(Enzyme-linked immunosorbent assay; ELISA)等により行うことができる。すなわち、吸光度の測定による場合には、得られた抗体をPBSで適当に希釈した後、280nmの吸光度を測定し、種およびサブクラスにより吸光係数は異なるが、ヒト抗体の場合 $1 mg/ml \sim 1$. 400として算出する。

洗浄後、5000 倍希釈したアルカリフォスファターゼ標識抗ヒトIg G 抗体 100μ 1 を加え、室温にて1時間インキュベートする。洗浄後、基質溶液を加えインキュベーションの後、MICROPLATE READER Model 3550 (Bio-Rad) を用いて 405 nmでの吸光度を測定し、目的の抗体の濃度を濃度標準ヒトIgGの吸光度より算出する。

また、抗体の濃度測定には、BIAcore (Pharmacia) を使用することができる。

本発明の抗ガンキリンポリペプチド抗体の活性の評価は、通常知られた方法を使用することができる。ガンキリンポリペプチドを固定したプレートに125 I標識抗ガンキリンポリペプチド抗体を添加し、公知の方法に従い洗浄して、放射活性を測定することにより、抗ガンキリンポリペプチド抗体の活性を評価することができる(Antibodies: A Laboratory Manual. Ed Harlow and David Lane, Cold Spring Harbor Laboratory, 1988)。

また、本発明で使用される抗ガンキリンポリペプチド抗体の抗原結合活性を測定する方法として、ELISA、EIA(酵素免疫測定法)、RIA(放射免疫測定法)あるいは蛍光抗体法を用いることができる。

例えば、ELISAを用いる場合、抗ガンキリンポリペプチド抗体を固相化したプレートにガンキリンポリペプチドを添加し、次がで目的の抗ガンキリンポリペプチド抗体を含む試料、例えば、抗ガンキリンポリペプチド抗体産生細胞の培養上清や精製抗体を加える。酵素、例えばアルカリフォスファターゼ等で標識した抗ガンキリンポリペプチド抗体を認識する二次抗体を添加し、プレートを存まれてション、洗浄した後、p-ニトロフェニル燐酸などの酵素、基質を加えて吸光度を測定することで抗原結合活性を評価することができる。ガンキリンポリペプチドとしてガンキリンポリペプチドの断片、例えばそのC末端からなる断片あるいはN末端からなる断片を使用してもよい。本発明の抗ガンキリンポリペプチド抗体の活性評価には、BIAcore(Pharmacia)を使用することができる

これらの手法を用いることにより、本発明の抗ガンキリンポリペプチド抗体と試料中に含まれるガンキリンポリペプチドが含まれると予想される試料とを接触せしめ、前記抗体とガンキリンポリペプ

チドとの免疫複合体を検出又は測定することから成るガンキリンポ リペプチドの検出又は測定方法を実施することができる。

具体的には、例えばELISAを用いる場合、抗ガンキリンポリペプチド抗体を固相化したプレートにガンキリンポリペプチドを含む試料を添加し、次いで抗ガンキリンポリペプチド抗体を加える。

酵素、例えばアルカリフォスファターゼ等で標識した抗ガンキリンポリペプチド抗体を認識する二次抗体を添加し、プレートをインキュベーション、洗浄した後、p-ニトロフェニル燐酸などの酵素基質を加えて吸光度を測定することで試料中のガンキリンポリペプチドの存在を評価することができる。ガンキリンポリペプチドとしてガンキリンポリペプチドの断片、例えばそのC末端からなる断片あるいはN末端からなる断片を使用してもよい。本発明の抗ガンキリンポリペプチド抗体の活性評価には、BIAcore(Pharmacia)を使用することができる。

本発明のガンキリンポリペプチドの検出又は測定方法は、ガンキリンポリペプチドを特異的に検出又は測定することができるため、ガンキリンポリペプチドを用いた種々の実験等に有用である。

本発明には、本発明の遺伝子と選択的にハイブリダイズし得るヌクレオチド(DNA 又はRNA)又はヌクレオチド誘導体、例えばアンチセンスオリゴヌクレオチド、リボザイム等が含まれる。本発明は例えば、配列番号:1に示される塩基配列中のいずれかの箇所にハイブリダイズするアンチセンスオリゴヌクレオチドを含む。このアンチセンスオリゴヌクレオチドである。さらに好ましくは配列本の連続する少なくとも20個以上のヌクレオチドに対するアンチセンスオリゴヌクレオチドである。例えドンを含む、前記のアンチセンスオリゴヌクレオチドである。例え

ば、本発明のアンチセンスオリゴヌクレオチドは、配列番号: 8 を 有するものである。また例えば、本発明のアンチセンスオリゴヌク レオチドは、配列番号: 9 を有するものである。

ここでいう「アンチセンスオリゴヌクレオチド」とは、DNA 又はmRNAの所定の領域を構成するヌクレオチドに対応するヌクレオチドが全て相補的であるもののみならず、DNA 又はmRNAとオリゴヌクレオチドとが配列番号:1に示される塩基配列に選択的に安定にハイブリダイズできる限り、1 又は複数個のヌクレオチドのミスマッチが存在していてもよい。選択的に安定にハイブリダイズするとは、少なくとも20個、好ましくは30個の連続したヌクレオチド配列領域で、少なくとも70%、好ましくは少なくとも80%、より好ましくは90%、さらに好ましくは95%以上の塩基配列上の相同性を有するものを示す。

本発明の1つの態様によれば、アンチセンスオリゴヌクレオチドは配列番号:8に示される塩基配列を有する。また、本発明の1つの態様によれば、アンチセンスオリゴヌクレオチドは配列番号:9に示される塩基配列を有する。

本発明において使用されるオリゴヌクレオチド誘導体がデオキシリボヌクレオチドの場合、各々の構造は式Iに示したとおりである

ROCH 2
$$\begin{array}{c}
0 \\
X - P = Y \\
0 \\
X - P = Y \\
0 \\
CH_2
\\
0 \\
CH_2
\\
0 \\
0 \\
R
\end{array}$$

$$\begin{array}{c}
0 \\
X - P = Y \\
0 \\
0 \\
0 \\
R
\end{array}$$

式 (I)

ここで、X は独立して酸素(0)、イオウ(S)、低級アルキル基あるいは一級アミン又は二級アミンのいずれであってもよい。Y は独立して酸素(0)あるいはイオウ(S)のいずれでもよい。B はアデニン、グアニン、チミン、あるいはシトシンのいずれかから選ばれ、主としてヒトガンキリン遺伝子のDNA 又はmRNAの相補的オリゴヌクレオチドである。R は独立して水素(H)又はジメトキシトリチル基あるいは低級アルキル基である。n は7-28である。

好ましいオリゴヌクレオチド誘導体としては、修飾されていない オリゴヌクレオチドだけではなく、下に示すごとく、修飾されたオ リゴヌクレオチドでもよい。このような修飾体として、例えばメチ ルホスホネート型又はエチルホスホネート型のような低級アルキル ホスホネート修飾体、ホスホロチオエート修飾体又はホスホロアミ デート修飾体等が挙げられる。

$$X-P=Y$$
 の例 $X-P=Y$ の例 $X-P=Y$ の例 $X-P=Y$ の例 $X-P=Y$ の例 $X-P=0$ $X-P$

これらのオリゴヌクレオチド修飾体は、次の通り常法により得る ことができる。化1 のX 及びY が0 であるオリゴヌクレオチドは市 販のDNA 合成装置、例えばApplied Biosystems製によって容易に合 成される。合成方法はホスホロアミダイトを用いた固相合成法、ハ イドロジェンホスホネートを用いた固相合成法等で得ることができ る (Atkinson, T. & Smith, M. in Oligonucleotide Synthesis: A Practical Approach, ed. Gait, M. J. IRL Press, 35-81 (1984) Caruthers, M. H. Science (1985) 230, 281, Kume, A. et al., J. Org. Chem. (1984) 49, 2139, Froehler, B. C. et al., Tetr ahedron Lett. (1986) 27, 469, Garegg, P. J. et al., ibid (19 86) 27, 4051, Sproat, B. S. et al., in Oligonucleotide Synth esis: A Practical Approach, ed. Gait, M. J. IRL Press, 83-11 5 (1984), Beaucage, S. L. & Caruthers, M. H. Tetrahedron Let t. (1981) 22, 1859-1862 , Matteucci, M. D. & Caruthers, M. H . Tetrahedron Lett. (1980) 21, 719-722, Matteucci, M. D. & C aruthers, M. H. J. Am. Chem. Soc (1981) 103, 3185-3191) o

X がアルキル基であるアルキルホスホネート修飾体は、常法、例えばホスホアミダイトを用いて得ることができる (Dorman, M. A. et al., Tetrahedron Lett. (1984) 40, 95-102 、Agarwal, K. L. & Riftina, F. Nucleic Acids Res. (1979) 6, 3009-3024)。

X がS であるホスホロチオエート修飾体は、常法、例えばイオウを用いた固相合成法 (Stein, C. A. et al., Nucleic Acids Resea

rch (1988) 16, 3209-3221) あるいはテトラエチルチウラム ジスルフィドを用いて、固相合成法により得ることができる (Vu, H. & Hirschbein, B. L. Tetrahedron Lett. (1991) 32, 3005-3008)

X、Y が共にS であるホスホロジチオエート修飾体は、例えばビスアミダイトをチオアミダイトに変換し、イオウを作用させることにより固相合成法により得ることができる(Brill, W. K-D. J. Am. Che. Soc. (1989) 111, 2321-2322)。

X が一級アミンあるいは二級アミンであるホスホロアミデート修飾体は、例えばハイドロジェンホスホネートを一級あるいは二級アミンで処理することにより固相合成法により得ることができる(Fr oehler, B. et al., Nucleic Acids Res. (1988) 16, 4831-4839)。あるいは、アミダイトをtert-ブチルハイドロパーオキサイドで酸化しても得ることができる(Ozaki, H. et al., Tetrahedron Lett. (1989) 30, 5899-5902)。

精製及び純度確認は、高速液体クロマトグラフィー、ポリアクリルアミドゲル電気泳動で行うことができる。分子量の確認は、Electrospray Ionization Mass Spectrometry 又はFast Atom Bonbardment-Mass Spectrometry で行うことができる。本発明のアンチセンスオリゴヌクレオチド誘導体はヒトガンキリンポリペプチドをコードするDNA 又はmRNAの塩基配列にハイブリダイズする配列を有するものであっれば、その合成法や由来はいずれでもよい。

本発明のアンチセンスオリゴヌクレオチド誘導体は、後述の実施例7に示す通りヒトガンキリンポリペプチドの産生細胞に作用して、ヒトガンキリンポリペプチドをコードするDNA 又はmRNAに結合することにより、その転写又は翻訳を阻害したり、 mRNA の分解を促進したりして、ヒトガンキリンポリペプチドの発現を抑制すること

により、結果的にヒトガンキリンポリペプチドの作用を抑制する効果を有する。本発明のアンチセンスオリゴヌクレオチド誘導体により抑制されるヒトガンキリンポリペプチドの作用としては、後述の実施例7に記載される細胞の軟寒天中でのコロニー形成能の抑制が挙げられる。

本発明のアンチセンスオリゴヌクレオチド誘導体は、それらに対 して不活性な適当な基剤と混和して塗布剤、パップ剤等の外用剤と することができる。

また、必要に応じて、賦形剤、等張化剤、溶解補助剤、安定化剤、防腐剤、無痛化剤等を加えて錠剤、散財、顆粒剤、カプセル剤、リポソームカプセル剤、注射剤、液剤、点鼻剤など、さらに凍結乾燥剤とすることができる。これらは常法にしたがって調製することができる。

本発明のアンチセンスオリゴヌクレオチド誘導体は患者の患部に直接適用するか、又は血管内に投与するなどして結果的に患部に到達し得るように患者に適用する。さらには、持続性、膜透過性を高めるアンチセンス封入素材を用いることもできる。例えば、リポソーム、ポリーL-リジン、リピッド、コレステロール、リポフェクチン又はこれらの誘導体が挙げられる。

本発明のアンチセンスオリゴヌクレオチド誘導体の投与量は、患者の状態に応じて適宜調整し、好ましい量を用いることができる。例えば、0.1~100mg/kg好ましくは0.1~50mg/kg の範囲で投与することができる。

本発明のアンチセンスオリゴヌクレオチドはガンキリンポリペプチドの発現を阻害し、したがってガンキリンポリペプチドの生物学的活性を抑制することにおいて有用である。また、本発明のアンチセンスオリゴヌクレオチドを含有するガンキリンポリペプチドの発

現阻害剤は、ガンキリンの生物学的活性、すなわち癌原性を抑制することができ、癌や過増殖性疾患の治療剤として有用である。

実施例

次に、本発明を実施例によりさらに具体的に説明する。

<u>実施例 1</u>. <u>サブトラクション法による c D N A の クローニング</u> サブトラクション法 (Nakayama, H. et al., Develop. Growth Dif fer. (1996) 38, 141-151) を用いて、肝癌に特異的に発現する遺伝 子の c D N A を クローニングした。

5 5 歳男性の手術標本から原発性肝癌取扱い規約(日本肝癌研究会編)に規定されるステージ3の肝癌組織と正常肝組織とを採取した。各々の組織からTRIsol試薬(GIBCOBRL製)を使用して全RNAを抽出した。この全RNAからcDNA合成キット(Pharmacia製)を使用してoligoーdTプライマーで二本鎖cDNAを合成した。ついで、このcDNAを制限酵素RsaIで消化後、リンカーアダプター(Nakayama, H. et al., Develop. Growth Differ. (1996) 38、141-151)を付加し、PCR法によりプライマー(Nakayama, H. et al., Develop. Growth Differ. (1996) 38、141-151)を用いてこれらのcDNAを増幅した。なお、正常肝組織由来のcDNAをPCR法で増幅する際、末端をビオチンで標識したプライマーを用いた。

過剰量の正常肝組織由来の二本鎖 c D N A を、少量の肝癌組織由来二本鎖 c D N A に混ぜて、熱変性で一本鎖にした後に、二本鎖へアニーリングした。肝癌組織由来 c D N A のうち正常肝組織にも発現していたものは、そのほとんどが大量に混在する正常肝由来の対応する c D N A と二本鎖を形成し、ビオチン標識を持つようになる。しかし肝癌組織に特異的な分子は、肝癌組織由来の c D N A 同士で二本鎖を形成しビオチン標識を持たない。そこでビオチン標識を

持つ c D N A 二本鎖を除去し、肝癌組織に特異的な c D N A 分子を 濃縮した。

濃縮した肝癌組織に特異的な c D N A 分子を P C R 法を用いて増幅し、同様の操作を繰り返して計 5 回濃縮を行った。こうして、ヒト肝臓組織由来の肝癌組織に特異的な 2 5 0 bpの c D N A 断片を得た。全長 c D N A を単離するため、ヒトの胎盤、マウス N I H / 3 T 3 細胞系、及びラットの胎盤から常法にしたがい c D N A ライブラリーを作製し、 λ Z A P IIファージベクター(Strategene製)に連結した。上記の 2 5 0 bpのヒト c D N A 断片をプローブとして用いて、高ストリンジェント条件下に前記ヒト胎盤 c D N A ライブラリーをスクリーニングした。

すなわち、ハイブリダイゼーション溶液(5×SSPE、50% ホルムアミド、5×Denhardt's溶液、0.5%SDS、 100μg/ml変性DNA、10%硫酸デキストラン)中で、42 ℃でハイブリダイズさせ、次いで0.1×SSC、1.0%SDS 、65℃の条件で洗浄した(Sambrook, J. et al., Molecular Clon ing, Cold Spring Harbour Laboratory Press(1989))。その結果 、678bp のORF を含む1542bpのヒトcDNAを得た。

このcDNA中の 6 7 8 bpの ORF を P C R 増幅し、これをプローブとして、低ストリンジェント条件下にラット胎盤及びマウスN I H / 3 T 3 細胞系の c D N A ライブラリーをスクリーニングした。 すなわち、ハイブリダイゼーション溶液(5 × S S P E 、 5 0 % ホルムアミド、5 × D e n h a r d t ′ s 溶液、 0 . 5 % S D S 、 1 0 0 μg / mi変性 D N A 、 1 0 % 硫酸デキストラン)中で 3 7 ℃にてハイブリダイズさせ、次いで 1 × S S C 、 1 . 0 % S D S 、 3 7 ℃の条件で洗浄した(Sambrook, J. et al., Molecular Cloning,Cold Spring Harbour Laboratory Press(1989))。

その結果、ラット及びマウス由来の c D N A を単離した。これらの c D N A の塩基配列を常法により決定し、それらの塩基配列からアミノ酸配列を決定した。ヒト、ラット、マウスの推定アミノ酸配列を1文字標記により記載して比較した結果を次の表1に示す。このアミノ酸配列を有するポリペプチドをガンキリン(gankyrin)と命名した。ヒトガンキリン遺伝子とマウスガンキリン遺伝子は塩基配列レベルで90%の相同性を有し、アミノ酸配列レベルで93%の相同性を有していた。また、ヒトガンキリン遺伝子とラットガンキリン遺伝子は、塩基配列レベルで91%の相同性を有し、アミノ酸配列レベルで94%の相同性を有していた。

表___1

- マウス MEGCVSNIMICNLAYSGKLDELKERILADKSLATRTDQDSRTALHWACSAGHTEIVEFLL
- ラット MEGCVSNLMVCNLAYNGKLDELKESILADKSLATRTDQDSRTALHWACSAGHTEIVEFLL
- マウス QLGVPVNDKDDAGWSPLHIAASAGRDEIVKALLVKGAHVNSVNQNGCTPLHYAASKNRHE
- ラット QLGVPVNEKDDAGWSPLHIAASAGRDEIVKALLIKGAQVNAVNQNGCTALHYAASKNRHE
- マウス ISVMLLEGGANPDAKDHYDATAMHRAAAKGNLKMVHILLFYKASTNIQDTEGNTPLHLAC
- ラット IAVMLLEGGANPDAKNHYDATAMHRAAAKGNLKMVHILLFYKASYNIQDTEGNTPLHLAC
- ヒ ト DEERVEEAKLLVSQGASIYIENKEEKTPLQVAKGGLGLILKRMVEG (配列番号:2)
- マウス DEERVEEAKFLVTQGASIYIENKEEKTPLQVAKGGLGLILKRLAESEEASM(配列番号:3)
- ラット DEERVEEAKLLVTQGASIYIENKEEKTPLQVAKGGLGLILKRIVESEEASM(配列番号:4)

なお、ヒトガンキリンの塩基配列を配列番号:1に、アミノ酸配列を配列番号:2に示す。マウスガンキリンの塩基配列を配列番号:3に、アミノ酸配列を配列番号:4に示す。ラットガンキリンの塩基配列を配列番号:5に、アミノ酸配列を配列番号:6に示す。なお、ガンキリンのアミノ酸配列において1位のアミノ酸Metから13位のアミノ酸Leuまではシグナル配列であることが推測された。

得られたヒトガンキリンポリペプチドのアミノ酸配列は5.5個のアンキリンリピート(ankyrin repeat) (Lambert, S. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, (1990) 87, 1730-1734)を有していた。この様子を次の表2に示す。

表 2

ANK	consensus	G	TPLHLAAR			GHVE	٧V	/KLL	GADVNA	TK	
			A	I	SQ	NNLI) I <i>A</i>	AEV	K	NPD	D
				V	K	T	M	R	Q	SI	N
									P		

ls t	repeat	DSRTALHWACSAGHTEIVEFLLQLGVPVNDKDD
2nt	repeat	AGWSPLHIAASAGRDEIVKALLGKGAQVNAVNQ
3rd	repeat	NGCTPLHYAASKNRHEIAVMLLEGGANPDAKDH
4 t h	repeat	YEATAMHRAAAKGNLKMIHILLYYKASTNIQDT
5 t h	repeat	EGNTPLHLACDEERVEEAKLLVSQGASIYIENK
6 t h	repeat	EEKTPLQVAKGGLGLILKRMVEG

この表において、上の3行は典型的なアンキリンの配列を示し、 下の6行は本発明のガンキリンポリペプチドのアミノ酸配列中のア ンキリンリピートを示す。 また、図15には、種々の蛋白質中のアンキリンリピートの存在位置及びリピート数を示す。

ガンキリン遺伝子の染色体上の位置を決定するため、蛍光in situn ハイブリダイゼーション(in situn hybridization)を行った。すなわち、ヒトの血液から単離したリンパ球を、10%ウシ胎児血清及びフィトへマグルチニン(PHA)を補充した最少必須培地(MEM)中で37℃にて68~72時間培養した。このリンパ球培養物を0.18mg/mlのBrdU(Sigma製)で処理することにより細胞集団の細胞周期を同調させた。細胞周期を同調させた細胞を無血清培地で3回洗浄した。細胞周期の停止を解除し、2.5μg/mlのチミジン(Sigma製)を含有するMEM中で37℃にて6時間再培養した。細胞を集め、そして低張圧処理、固定及び空気乾燥を含む標準的方法を用いて染色体標本スライドを作製した。

約8. 0kbのガンキリン遺伝子挿入部を有するファージDNA(Sambrook, J. et al., Moleculor Cloning 前出)を、 BRL BioNick ラベルキットを用い、指示書にしたがってdATP及びビオチンー16-dCTPにより15℃にて1時間ニックトランスレーションを行うことによりビオチン標識した(Herg et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 89: 9509-9513 (1992))。

これをプローブとして用いて、蛍光イン・サイチュー・ハイブリダイゼーション (Fluorescence in situ hybridization; F I S H) を行った (Herg et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 89: 9509-9531 (1992); Herg et al., Chromosoma, 102: 325-332 (1993))。

すなわち、まずスライドを 5 5 ℃にて 1 時間処理し染色体をスライドグラスに固着させた。 R N a s e 処理の後、スライドを 2 × S S C 中 7 0 %ホルムアミドにより 7 0 ℃にて 2 分間変性し、次にエ

タノールにより脱水した。50%ホルムアミド、10%硫酸デキストラン及びヒトcot IDNAを含むハイブリダイゼーション混合物中で75℃にて5分間、プローブを変性した。反復配列を抑制するために37℃にて15分間インキュベートした後、前記の変性処理したスライド上に前記のプローブを添加した。一夜ハイブリダイゼーションを行った後、スライドを2×SSC中50%ホルムアミドにより37℃にて洗浄し、さらに1×SSC中で60℃にて洗浄した。

蛍光標識 F I T C ー結合アビジン(Vector Laboratories製) によりビオチンを検出した後、D N A を染色する蛍光試薬である D A P I (Sigma 製) を用いて染色し、染色体上に G / Q ー バンドパターンを生じさせた。この方法を用いることにより、DNA を染色する蛍光試薬で染色体に特有な濃淡バンドパターンを作成することができ、染色体の帰属と染色体地図(位置)の作成が可能となる。

微弱な光を検出可能なTVカメラである冷却CCD カメラ(cooled charge-coupled device カメラ) (Photometrics 製)を用いて21のmetaphase (分裂期)像を写真にとった。FISHシグナルとDAPIバンド形成染色体とを重ねることにより、FISHマップデータを染色体バンドに帰属させた (Hery et al., Methods in Molecular Biology: In situ hybridization protocols (K. H. A Choo.ed), p. 35-49 (1994), Human Press, Clifton, NJ.)。

使用した条件下で、このプローブについて、ハイブリダイゼーション効率は約81%であった。すなわち、検査して100個の分裂図(mitotic figure)中80個が1対の染色体上にシグナルを示した。特定の染色体を同定するためにDAPIバンド形成を用いたので、プローブからのシグナルはX染色体の長腕(long arm)に帰属された。さらに、10枚の写真をまとめることにより詳細な位置決

定を行った。結果を図1に示す。使用した条件下でFISH検出により検出されるその他の遺伝子座は存在しなかったので、プローブ T4-11は染色体X領域 q21.3-q22.2に位置付けられた。

得られたin situ ハイブリダイゼーションの結果(蛍光染色)を 図 2 に示す。

実施例2. ガンキリン遺伝子の組織発現レベルの検討

ガンキリン遺伝子の発現を調べるため、種々の組織及び細胞をTRIzo1試薬(GIBCO BRL製) 中でホモジナイズした。全RNA($20\mu g$)を変性し、そして 2.2M ホルムアルデヒドを含有する 1.0%のアガロースゲル中での電気泳動により分離した。

ゲルをHybondN+ナイロン膜(Amersham製)にブロットし、そして迅速ハイブリダイゼーション緩衝液(Rapid-hyb buffer、Amersham製)中で2時間、〔 α - 32 P〕dCTP-ラベルcDNA断片(250bpのヒトガンキリンcDNA)にハイブリダイズさせた。ハイブリダイゼーションの後、0.1×SSC及び0.1%SDSを含む洗浄緩衝液中65℃にて30分間からなるストリンジェント条件下でフィルターを洗浄し、そして次に-80℃にてフィルムに露出した。フィルターを細長く切り、そして内部標準としての18S 1 8 S 1 8 R N A 用のプローブと再度ハイブリダイズさせた。オートラジオグラムを走査デンシトメーター(アトー社製)により定量することによりR N A の発現レベルを評価した。

肝癌組織(T)及び肝非癌組織(N)からのサンプルの結果を図3に示す。下方は内部標準の結果を示し、上方はヒトガンキリンcDNAプローブにより検出した結果を示す。ガンキリンmRNAは肝癌組織のみで過剰発現していることが示された。

肝臓以外のヒト癌組織についての結果(陽性数/被験数)を下に

示す。

RCC(腎細胞癌)

0 / 2 0

精巣癌

0 / 5

卵巣癌

0 / 5

胃癌

4 / 4

上記の結果、被験癌組織中、胃癌の組織にも、ガンキリンmRN Aが過剰発現されていた。

種々の細胞系、すなわち、ヒト細胞系HepG2(レーン1)、 Hela(レーン2)、K562(レーン3)、NC65(レーン 4)、NEC8(レーン5)、T24(レーン6)、及びIMR9 0(レーン7)の結果を図4に示す。幾つかの細胞系においてガン キリンmRNAは発現されていた。

種々のヒト正常組織、すなわち、肝臓(レーン1)、脾細胞(レーン2)、膵臓(レーン3)、心臓(レーン4)、副腎(レーン5)、甲状腺(レーン6)、胎盤(レーン7)、卵巣(レーン8)、睾丸(レーン9)、腎臓(レーン10)、及び肺(レーン11)の結果を図5に示す。図5に示す通り、ヒト正常組織でのガンキリンmRNAの発現はわずかであった。

以上の結果、癌組織におけるガンキリンmRNAの特異的な高発現が確認された。

実施例3. ガンキリンポリペプチドに対する抗体の調製及び免疫 組織化学的分析

抗ガンキリンポリペプチド抗体の調製のため、ガンキリンのC-末端領域に対応するペプチドMet-Glu-Gly-Cys-Val-Ser-Asn-Leu-Met-Val-Cys-Asn-Leu-Ala-Tyr (配列番号: 7)を合成した。このペプチドをキーホールリンペットヘモシアニンに連結し、そしてウサギに免疫感作した。免疫感作から14、42及び56日後に再度ウ

サギを免疫感作し、抗血清を得た。

得られた抗血清を固相化した上記ペプチドを用いてアフィニティ - 精製し、ポリクローナル抗体を得た(Fmoc Chemistry, Research Gevetic Inc.)。本抗体のガンキリンポリペプチドに対する反応性 ・特異性は、ウエスタンブロット解析により確認した。すなわち、 ガンキリン遺伝子発現プラスミドをTNT発現系 (Promega 製) に 加え翻訳生成物(ガンキリンポリペプチド)を得た。この際、〔³゚ S]メチオニンを系に添加することにより〔³5S〕メチオニン標識 ヒトガンキリンポリペプチドを合成した。同じ条件を用いて非標識 ガンキリンポリペプチドも合成した。

〔35S〕メチオニン標識および非標識ヒトガンキリンポリペプチ ドをSDSポリアクリルアミドゲル電気泳動(条件は後述)し、非標 識体の泳動パターンをウエスタンブロット法にて解析した。すなわ ち、非標識体泳動ゲルをイモビロン転写膜(Immobilon transfer m embrane)(Millipore製) に転写し、5%ウシ血清アルブミン(BS A)を含有するTris緩衝液中でブロックした。次に、上記ブロ ッティング膜をTris緩衝液、0.1% Tween-20及び BSA中に1:2000~1:10000に希釈した本ポリクロー ナル抗体と4℃にて16時間インキュベートした。

ブロッティング膜を、Tris緩衝液、0.1% Tween-20中で室温にて繰り返し洗浄した。そして、二次抗体としてのホ ースラディッシュパーオキシダーゼ標識した抗ウサギイムノグロブ リン抗体と共に室温にて1時間インキュベートした。これを洗浄の 後、電気化学発光試薬(Amersham製)により発色せしめた。

一方、標識体泳動ゲルについてはオートラジオグラフィーにより 、ガンキリンポリペプチドの泳動位置を確認した。その結果、標識 体のオートラジオグラフィーバンドに一致して、非標識体のウエス

タンブロットのバンドが得られ、本ポリクローナル抗体がガンキリン遺伝子産物を認識することが示された。

3人の肝癌患者の肝非癌組織(N)及び肝癌組織(T)の溶解物中のガンキリンポリペプチドを上記と同様にアフィニティー精製した抗ガンキリンポリペプチド抗体を用いてウエスタンブロット法にて検出した結果を図6に示す。実施例2で示したmRNAレベルと同様、非癌部肝臓に比し、肝癌組織中により多くのガンキリンポリペプチドが検出された。

ヒト細胞系、すなわちHepG2(ATCCカタログ1994(American Type Culture Collection))(レーン1)、HeLa(ATCCカタログ1994(American Type Culture Collection))(レーン2)、T24(ATCCカタログ1994(American Type Culture Collection))(レーン3)、NC65(Hoehn、W. and Schroeder、F. H.、Invest. Urol.(1978)16、106)(レーン4)、NEC8(ヒュー

マンサイエンス研究資源バンク、細胞・遺伝子カタログ第 2 版、平成 7(1995)年)(レーン 5)、Jurkat(ATCCカタログ1994(American Type Culture Collection))(レーン 6)、 293(ATCCカタログ1994(American Type Culture Collection))(レーン 7)及び COS - 7(ATCCカタログ1994(American Type Culture Collection))(レーン 7)及び COS - 7(ATCCカタログ1994(American Type Culture Collection))(レーン 8)の全細胞溶解物のガンキリンポリペプチドを、上記と同様にアフィニティー精製した抗ガンキリンポリペプチド抗体を用いてウエスタンブロット法で検出した結果を図 7 に示す。その結果、全ての株化細胞においてガンキリンポリペプチドの発現が確認された。

全細胞抽出物及び組織抽出物を、 $50\,\mathrm{mM}$ Tris $-\mathrm{HCl}$ 、 pH 7. 4、 $400\,\mathrm{mM}$ NaCl、 $1\%\,\mathrm{SDS}$ 、 $1\%\,\mathrm{Triton}$ X-100、 $1\%\,\mathrm{Fr}$ オキシコール酸、 $5\,\mathrm{mM}$ EDTAからなる放射性同位元素標識免疫沈降法用の改変緩衝液中で溶解した $3\sim5\times10^6$ 個の細胞から調製し、そして次に短時間超音波処理してDNAを剪断した。すべての抽出液に、使用直前に $15\,\mathrm{mM}$ β -グリセロールホスフェート、 $2\,\mathrm{mM}$ ピロリン酸ナトリウム、 $1\,\mathrm{mM}$ Na。 VO4 からなるホスファターゼ阻害剤及びアプロチニン、ロイペプチン及びフェニルメチルスルホニルフルオリドからなるプロテアーゼ阻害剤を添加した。

サンプルをSDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動(PAGE)により分離し、そしてSDS-PAGEに用いたゲルをイモビロン転写膜(Immobilon transfer membrane)(Millipore製)に転写し、そして5%ウシ血清アルブミン(BSA)を含有するTris緩衝液中でブロックした。次に、上記ブロッティング膜をTris緩衝液、0.1% Tween-20及びBSA中に1:2000~1:10000に希釈した上記一次抗血清又は抗体と4%にて16

時間又は室温にて1時間インキュベートした。ブロッティング膜を 、Tris緩衝液、0. 1% Tween-20中で室温にて繰り 返し洗浄した。そして、二次抗体としてのホースラディッシュパー オキシダーゼ標識した抗ウサギイムノグロブリン抗体又は抗マウス イムノグロブリン抗体と共に室温にて1時間インキュベートした。 これを洗浄の後、電気化学発光試薬(Amersham製)により発色せし めた。

実施例4.ガンキリンポリペプチドの特徴づけ

ヒトガンキリンポリペプチドをコードする 6 7 8 ppoc DNA (実施例 1) を、p MKIT-NEO哺乳類発現ベクター(新細胞工学実験プロトコールP. <math>2 5 9 、東大医科研編、秀潤社)に、センス方向及びアンチセンス方向に連結した。このベクター中のSR α プロモーターは、挿入されたDNAからのRNAの合成を構成的に指令することができる。pMKIT-NEOベクターは、形質転換体の選択に適当なネオマイシン耐性遺伝子を有する。

 30μ gのプラスミド構成物をリン酸カルシウム法によりNIH 3T3細胞(Jainchill, J. F. et al., J. Virol(1969)4, 549-553)にトランスフェクトした。トランスフェクトして 48時間後、培地に 1000μ g/mlの濃度で G418を添加した。個々のコロニーを単離し、さらなる解析のために増殖せしめた。こうして、 5 個のセンスクローン、 5 個のアンチセンスクローン、 及び 5 個の対照 クローンを樹立し、これらのクローンをインビトロ増殖、形態、細胞周期及び造腫瘍性(tumorigenicity)により特徴付けた。

増殖曲線から倍化時間を決定した。下層(DMEM、10%FCS、0.6%寒天)及び上層(DMEM、10%FCS、0.3%寒天)から成る2層の軟寒天中で細胞を培養した。35mmの軟寒天プレートに5×10³個の細胞を接種し、37℃にて4~5週間イ

ンキュベートした後細胞をカウントした。細胞数15個以上から成るコロニーの数の5クローンの平均は、対照クローンで25±2、センスクローンで123±1であった。したがって、ガンキリンポリペプチドを発現する細胞の軟寒天中でのコロニー形成能の増加が示された。

4週令の雌性ヌードマウス(Flanagan, S. P. Genet. Res.(1966)8
, 295-309)皮下に1×10。個の細胞を移植することによりNIH
3 T 3 細胞系での造腫瘍性を試験した。モック構成物を含有する5種類のクローン性細胞系及びセンスヒトガンキリン構成物を含有するクローン性細胞系のそれぞれを、3 匹のマウス(合計18 匹のマウス)に1×10。細胞/マウスを皮下移植した。皮下移植の後3ケ月間にわたり腫瘍の形成を観察した。腫瘍の測定は、同一の観察者による2 つの直角方向に、直線キャリパーを用いて行った。また、細胞周期の解析のためフローサイトメトリーを用いた。

その結果、対照ベクターを含む細胞を接種した場合腫瘍の形成は4クローン中0クローン(腫瘍形成なし)であったのに対して、センスベクターを含む細胞クローンを接種した場合の腫瘍形成は4クローン中3クローンであった。したがって、ガンキリンポリペプチド発現細胞をマウスに移植すると造腫瘍能を示すことが明らかになった。なお、腫瘍を形成しなかった1クローンは他の3クローンよりガンキリンmRNAの発現レベルが低かった。

培養ヒト腎癌細胞株 2 9 3 は培地中より血清を除くことにより、アポトーシスが誘導され死細胞が増加する。この細胞系を用い、ガンキリン遺伝子のアポトーシス誘導に対する作用を検討した。実験に先立ち、10μgの上記のpMKIT-NEOベクターを用い、各遺伝子をリン酸カルシウム共沈法により 2 9 3 細胞にトランスフェクトし、G418選択培地にてそれぞれの遺伝子を安定に導入された

複数個のクローンを得、以降の実験に供した。

なお、この際、3回のトランスフェクション実験のG418選択培地より得られたコロニーフォーカス数の平均値は、対照クローンで56±4、センスクローンで70±4、そしてアンチセンスクローンで23±3であった。したがって、ガンキリンポリペプチドが細胞増殖促進ないしアポトーシス誘導抑制に作用していることが示された。

各293細胞クローンを用い、2×10°細胞を60mmの組織培養用ペトリ皿(Nunc GmbH)にそれぞれ播き込んだ。血清を除去した後、細胞をトリプシン処理し、浮遊細胞と付着細胞の数、およびトリパンブルー染色により死細胞数をカウントし、全細胞数に対する死細胞数の割合を求めた。

また、アポトーシス細胞数の解析には組織化学的方法を用いた。 すなわち、各クローン細胞をカバーグラス上で48時間60%飽和 密度に達するまで増殖させ、血清除去後、ApopTagアポトー シス検出キット(Oncor製)によりアポトーシス細胞を染色し、光学 顕微鏡撮影を行い全接着細胞数に対するアポトーシス細胞の割合を 計測した。

上記2実験において、全細胞数に対するトリパンブルー染色全細胞数の比率(%)と、全細胞数に対するアポトーシス細胞の数の比率(%)はそれぞれ、対照クローンでは33±5%と45±5%であり、センスクローンでは59±6%と30±2%であった。したがって、ガンキリン遺伝子産物によるアポトーシスおよび細胞死が抑制されることが示された。

各クローン、2×10⁶ 個の細胞を10 cmのペトリ皿に播手した。そしてインキュベートした後に血清を除去しアポトーシスを誘導した。アポトーシス細胞の顕著な特徴である、ヌクレオソーム間で

の遺伝子DNA 断片化を解析するため、所定の時間後に上記細胞を穏やかに剝がし取り、付着細胞と一緒に上清に集めた。細胞を、0.25%のNP-40及び0.1mg/mlのRNaseを含有するTBE(45mM Tris-硼酸塩、1mMEDTA、pH8.0)0.25mlに再懸濁した。

37℃にて30分間のインキュベーションの後、抽出物を1 mg/mlのプロテイナーゼKによりさらに30分間、37℃で処理した。次に、30μ1の抽出物を0.5μg/mlの臭化エチジウムの存在下で1.7%アガロースゲル電気泳動を行った。その結果、センスガンキリン遺伝子を導入した細胞では対照細胞に比し、ヌクレオソーム間DNA断片化による梯子状の電気泳動パターンが減少していた。したがって、これら3実験よりガンキリン遺伝子産物がアポトーシス誘導に対し抑制的に働くことが示された。これは他のいくつかの癌原性遺伝子に認められる特徴であり、ガンキリン遺伝子が癌原性遺伝子であることを支持している。

実施例 5. ガンキリンポリペプチドの相互作用

サイトメガロウィルスのエンハンサー/プロモーターを有し且つインフルエンザウィルス HA(ヘモグルアチニン)エピトープの塩基配列を有する pCMV4-3HA' ベクター(Brockman, J. A. et al., Moleculor and Cellulor Biology(1995)15,2809-2818)に、実施例 1 で得たヒトガンキリン cDNA を連結して、ガンキリンとインフルエンザウィルス HA からなる融合ポリペプチドを発現するプラスミド pCMV4-3HA + gankyrinを作製した。

さらに、ベクターpGEX (Pharmacia 製) にヒトガンキリンコード配列を挿入することによりGST (グルタチオン・S・トランスフェラーゼ) とガンキリンからなる融合ポリペプチドを発現するプラスミドpGEX - gankyrinを作製した。

GST融合ポリペプチドをグルタチオン-Sepharose 4 B(Pharm acia製)上に集め、そして抗Rb抗体、抗NF κ Bp50抗体、及び抗NF κ Bp65(いずれもSanta Crutz製)を用いるウエスタンブロット法により分析した。

細胞抽出物及び免疫沈澱の調製は次のようにして行った。 50 mM HEPES (pH7. 5)、 150 mM NaCl、2. 5 mM EG TA、1 mM DTT、0. 1% Tween -20、 10% グリセロール、プロテアーゼ阻害剤及びフォスファターゼ阻害剤を含有する IP緩衝液に細胞を懸濁し、音波処理し、そして次に 4%にて10分間 $1000 \times g$ で遠心分離した。抗HA抗体、抗Rb抗体、抗NF κ Bp 50 抗体又は抗NF κ Bp 65 抗体によりプレコートされたプロテインA - Sepharose CL4 B (Pharmacia製)を用いて、4%にて 16 時間、上清を沈降せしめた。

ビーズ上の免疫沈降した蛋白質をIP緩衝液により10回洗浄した。2×SDSサンプル緩衝液中の沈澱をSDSーポリアクリルアミドゲル電気泳動により分離し、そして抗HA抗体、抗Rb抗体、抗NFκBp50抗体又は抗NFκBp65抗体を用いるウエスタンブロット法により分析した。

次に結果を示す。

インビトロで細胞の溶解物を用いた結果を図りに示す。GSTのみあるいはGSTとガンキリンの融合ポリペプチドを大腸菌で発現させ、これを回収した。ヒト293細胞の溶解物と先に得られたGSTのみあるいはGSTーガンキリン融合ポリペプチドを混ぜ、グルタチオン結合セファロースで沈降させこれを電気泳動した。

電気泳動したゲルをニトロセルロース膜に転写し(A)抗Rb抗体、(B)抗p50抗体および(C)抗p65抗体で検出した結果を示す。(A)において、レーン左から、ヒト293細胞の溶解物のみ、ヒト293細胞の溶解物と大腸菌で発現させた上記GSTポリペプチドをまぜ、グルタチオン結合セファロースで沈降させたもの、および、ヒト293細胞の溶解物と大腸菌で発現させた融合ポリペプチドをまぜ、グルタチオン結合セファロースで沈降させたものの結果を示す。

(B)において、レーン左から、ヒト293細胞の溶解物のみ、ヒト293細胞の溶解物と大腸菌で発現させたGSTポリペプチドをまぜ、グルタチオン結合セファロースで沈降させたもの、および、ヒト293細胞の溶解物と大腸菌で発現させたものの結果を示す。(C)において、レーン左から、ヒト293細胞の溶解物のみ、ヒト293細胞の溶解物と大腸菌で発現させたGSTポリペプチドをまぜ、グルタチオン結合セファロースで沈降させたもの、および、ヒト293細胞の溶解物と大腸菌で発現させたもの、および、ヒト293細胞の溶解物と大腸菌で発現させたものの結果を示す。

細胞のインビボ実験を図10に示す。HAと融合させたガンキリンを発現するヒト293細胞の溶解物を(A)抗Rb抗体、(B)抗p50抗体あるいは(C)抗p65抗体で免疫沈降し、次いで抗

HA抗体で検出するとHA融合ガンキリンポリペプチドが検出された。(A)において、ガンキリン遺伝子を含まないベクターで形質転換したヒト293細胞の溶解物を非特異的イムノグロブリン(レーン1)又は抗Rb抗体(レーン2)で沈降させ、それを電気泳動して抗HA抗体で検出したもの、ガンキリン遺伝子を含むベクターで形質転換したヒト293細胞の溶解物を非特異的イムノグロブリン(レーン3)又は抗Rb抗体(レーン4)で沈降させ、それを電気泳動して抗HA抗体で検出したものの結果を示す。

(B)において、レーンは、ガンキリン遺伝子を含まないベクターで形質転換したヒト293細胞の溶解物を非特異的イムノグロブリン(レーン1)又は抗p50抗体(レーン2)で沈降させ、それを電気泳動して抗HA抗体で検出したもの、ガンキリン遺伝子を含むベクターで形質転換したヒト293細胞の溶解物を非特異的イムノグロブリン(レーン3)又は抗p50抗体(レーン4)で沈降させ、それを電気泳動して抗HA抗体で検出したもの、およびガンキリン遺伝子を含むベクターで形質転換したヒト293細胞の溶解物を電気泳動したもの(レーン5)を抗HA抗体で検出したものの結果を示す。

(C)において、レーンは、ガンキリン遺伝子を含まないベクターで形質転換したヒト293細胞の溶解物を非特異的イムノグロブリン(レーン1)又は抗p65抗体(レーン2)で沈降させ、それを電気泳動して抗HA抗体で検出したもの、ガンキリン遺伝子を含むベクターで形質転換したヒト293細胞の溶解物を非特異的イムノグロブリン(レーン3)又は抗p65抗体(レーン4)で沈降させ、それを電気泳動して抗HA抗体で検出したもの、およびガンキリン遺伝子を含むベクターで形質転換したヒト293細胞の溶解物(レーン5)を電気泳動したものを抗HA抗体で検出したものの結

果を示す。

細胞のインビボ実験の結果を図11に示す。HAとガンキリンからなる融合ポリペプチドを発現するヒト293細胞の溶解物を抗HA抗体で免疫沈降し、(A)抗Rb抗体あるいは(B)抗p65抗体で検出すると各々Rbあるいはp65が検出された。

(A)において、レーンは、ガンキリン遺伝子を含まないベクターで形質転換したヒト293細胞の溶解物を電気泳動して抗Rb抗体(レーン1)で検出したもの、ガンキリン遺伝子を含まないベクターで形質転換したヒト293細胞の溶解物を非特異的イムノグロブリン(レーン2)又は抗HA抗体(レーン3)で沈降させ、それを電気泳動して抗Rb抗体で検出したもの、ガンキリン遺伝子を含むベクターで形質転換したヒト293細胞の溶解物を非特異的イムノグロブリン(レーン4)又は抗HA抗体(レーン5)で沈降させ、それを電気泳動して抗Rb抗体で検出したものの結果を示す。

(B)において、レーンは、ガンキリン遺伝子を含まないベクターで形質転換したヒト293細胞の溶解物を、非特異的イムノグロブリン(レーン1)又は抗HA抗体(レーン2)で沈降させ、それを電気泳動して抗p65抗体で検出したもの、ガンキリン遺伝子を含むベクターで形質転換したヒト293細胞の溶解物を非特異的イムノグロブリン(レーン3)又は抗HA抗体(レーン4)で沈降させ、それを電気泳動して抗p65抗体で検出したもの、およびガンキリン遺伝子を含むベクターで形質転換したヒト293細胞の溶解物(レーン5)を電気泳動したものを抗p65抗体で検出したものの結果を示す。

これらの結果、ガンキリンポリペプチドは細胞内(in vivo)で Rb又はNFκBと相互作用することが示された。

実施例 6. 細胞周期とガンキリン遺伝子発現

NIH/3T3細胞を72時間にわたる血清飢餓(serum starva tion)により細胞周期を初期G1期に固定し、そして血清の再添加により細胞周期を同調させた。細胞を溶解し、mRNAを抽出して、ガンキリンcDNAをプローブとして検出を行った。すなわち、マウスガンキリンのコーディング領域のcDNAを鋳型としPCR法により増幅した後、32Pを用いてランダムプライミングで標識したものをプローブとして用い、ノーザンブロット法にてmRNAを検出した。

各々の細胞手段の細胞周期解析にはフローサイトメトリー(FLow Cytometry)を用いた。すなわち、Ca²+及びMg²+を含有しないPBSにて細胞を洗浄し、トリプシン処理を行った。次いで、10%FCSを含むDMEMで細胞を洗浄して回収し、サンプルバッファーでもう一度洗浄して再懸濁した後、70%エタノールで細胞を固定した。これをPI(Propiodium iodine)で染色してフローサイトメーターで測定した。

図12に結果を示す。図12において、各レーンは血清再添加後、1時間(レーン1)、3時間(レーン2)、6時間(レーン3)、9時間(レーン4)、12時間(レーン5)、15時間(レーン6)、18時間(レーン7)、21時間(レーン8)、24時間(レーン9)、27時間(レーン10)、30時間(レーン11)及び33時間(レーン12)の結果を示す。1~9時間(レーン1~4)はG1期であり、12~18時間(レーン5~7)はS期であり、21~24時間(レーン8~9)はG2+M期であり、27時間(レーン10)以後再びG1期にもどる。

種々の細胞濃度で増殖した細胞中に発現しているmRNAの検出の結果を図13に示す。この図において、細胞濃度1×10 ⁶ 細胞/100 mmディッシュ(レーン1)、2×10 ⁶ 細胞(レーン2)

、 3 × 1 0 ⁶ 細胞 (レーン 3) 及び 4 × 1 0 ⁶ 細胞 (レーン 4) の 結果を示す。

部分的肝切除を行った後のマウスの肝再生過程で発現するmRNAの検出結果を図14に示す。部分的肝切除前(レーン1)、並びに部分的肝切除から1時間後(レーン2)、6時間後(レーン3)、24時間後(レーン4)、48時間後(レーン5)、72時間後(レーン6)及び168時間後(レーン7)の結果を示す。

細胞周期を同調したNIH3T3細胞にてガンキリンのmRNAを調べると、ガンキリンは細胞周期にしたがい発現が変化した。また、部分肝切除マウスの肝でも同様に細胞周期にしたがい発現が変化した。これらのことからガンキリンは細胞周期の進行に伴い、G1期からS期に発現が亢進することが示され、細胞周期制御との関連が示唆された。

実施例7. アンチセンス鎖による肝癌細胞抑制効果

ヒト肝癌細胞株 Hep G 2 を用いて、ヒトガンキリン・アンチセンスオリゴヌクレオチド誘導体(配列:CCTGTCGCTTTACCTCCCA)(配列番号:8)及び(TACCTCCCCACACACACAGATT)(配列番号:9)の肝細胞増殖抑制効果を調べた。培養液として2%ウシ胎児血清(FCS)を加えたRPMI1640(ニッスイ)を用いた。

1 mlの培養液を入れた 35 mm培養皿を一晩 37 $^{\circ}$ \mathbb{C} \mathbb

して、センスオリゴヌクレオチドを添加した場合のコロニー数は95±7%であるのに対してアンチセンスヌクレオチドを添加した場合にはコロニー数は70±5%に減少した。

ヒトガンキリンアンチセンスオリゴヌクレオチドはコロニーの形成に対する抑制効果を示した。この結果、ガンキリン遺伝子の開始コドンを含むアンチセンスオリゴヌクレオチドは肝癌細胞株HepG2の細胞増殖を抑制することが明らかになった。

産業上の利用可能性

本発明のガンキリンポリペプチドは細胞のコロニー形成能の増加、マウスにおける造腫瘍能及びアポトーシス誘導の抑制等の作用を示すことから、癌原性を有することが示された。ガンキリンポリペプチドおよびそれをコードするDNA は、発癌の作用機序の解明のために有用である。また、ガンキリンポリペプチドを使用したスクリーニング方法、ガンキリンポリペプチドに対する抗体、それを用いたガンキリンポリペプチドの検出又は測定方法およびガンキリンポリペプチドをコードするDNA に対するアンチセンスオリゴヌクレオチドも同様に発癌の作用機序の解明のために有用である。

特許協力条約第13規則の2の寄託された微生物への言及及び寄託 機関

寄託機関 名 称:工業技術院生命工学工業技術研究所

あて名:日本国茨城県つくば市東1丁目1-3

微生物(1) 表 示:Escherichia coli DH5α [pBS-t4-11]

寄託番号: FERM BP-6128

寄託日:1997年9月29日

配 列

配列: 1

配列の長さ:780

配列の型:核酸

鎖の数:二本鎖

トポロジー:直鎖状

配列の種類:cDNA

配列

rggt	GAAG	CT C	TAAC	GGCT	G TT	TTGA	CTGG	CGT	AGCC	GGA	GCCG	GCGA	CG T	GAGG	CGGGC	60
GTTG	CTCG	cc c	GACA	AGTA	G TT	GCTG	GGAC	AGC	GAA	ATG	GAG	GGG	TGT	GTG	TCT	114
										Met	Glu	Gly	Cys	Val	Ser	
										1				5		
AAC	СТА	ATG	GTC	TGC	AAC	CTG	GCC	TAC	AGC	GGG	AAG	CTG	GAA	GAG	TTG	162
Asn	Leu	Met	Val	Cys	Asn	Leu	Ala	Tyr	Ser	Gly	Lys	Leu	Glu	Glu	Leu	
			10				-	15					20			
AAG	GAG	AGT	ATT	CTG	GCC	GAT	AAA	TCC	CTG	GCT	ACT	AGA	ACT	GAC	CAG	210
Lys	Glu	Ser	Ile	Leu	Ala	Asp	Lys	Ser	Leu	Ala	Thr	Arg	Thr	Asp	Gln	
		25					30					35				
GAC	AGC	AGA	ACT	GCA	TTG	CAC	TGG	GCA	TGC	TCA	GCT	GGA	CAT	ACA	GAA	258
Asp	Ser	Arg	Thr	Ala	Leu	His	Trp	Ala	Cys	Ser	Ala	Gly	His	Thr	Glu	
	40					45					50					
ATT	GTT	GAA	TTT	TTG	TTG	CAA	CTT	GGA	GTG	CCA	GTG	AAT	GAT	AAA	GAC	306
lle	Val	Glu	Phe	Leu	Leu	Gln	Leu	Gly	Val	Pro	Val	Asn	Asp	Lys	Asp	
55					60					65					70	
GAT	GCA	GGT	TGG	TCT	CCT	CTT	CAT	ATT	GCG	GCT	TCT	GCT	GGC	CGG	GAT	354

80

85

Asp Ala Gly Trp Ser Pro Leu His Ile Ala Ala Ser Ala Gly Arg Asp

75

GAG	ATT	GTA	AAA	GCC	CTT	CTG	GGA	AAA	GGT	GCT	CAA	GTG	AAT	GCT	GTC	402
Glu	lle	Val	Lys	Ala	Leu	Leu	Gly	Lys	Gly	Ala	Gln	Vai	Asn	Ala	Val	
			90					95					100			
AAT	CAA	AAT	GGC	TGT	ACT	ccc	TTA	CAT	TAT	GCA	GCT	TCG	AAA	AAC	AGG	450
Asn	Gln	Asn	Gly	Cys	Thr	Pro	Leu	His	Tyr	Ala	Ala	Ser	Lys	Asn	Arg	
		105					110					115				
CAT	GAG	ATC	GCT	GTC	ATG	TTA	CTG	GAA	GGC	GGG	GCT	AAT	CCA	GAT	GCT	498
His	Glu	He	Ala	Val	Met	Leu	Leu	Glu	Gly	Gly	Ala	Asn	Pro	Asp	Ala	
	120					125					130					
AAG	GAC	CAT	TAT	GAG	GCT	ACA	GCA	ATG	CAC	CGG	GCA	GCA	GCC	AAG	GGT	546
Lys	Asp	His	Tyr	Glu	Ala	Thr	Ala	Met	His	Arg	Ala	Ala	Ala	Lys	Gly	
135					140					145					150	
AAC	TTG	AAG	ATG	ATT	CAT	ATC	CTT	CTG	TAC	TAC	AAA	GCA	TCC	ACA	AAC	594
Asn	Leu	Lys	Me t	lle	His	He	Leu	Leu	Tyr	Tyr	Lys	Ala	Ser	Thr	Asn	
				155					160					165		
ATC	CAA	GAC	ACT	GAG	GGT	AAC	ACT	CCT	CTA	CAC	ATT	GCC	TGT	GAT	GAG	642
He	Gln	Asp	Thr	Glu	Gly	Asn	Thr	Pro	Leu	His	Leu	Ala	Cys	Asp	Glu	
			170					175					180			
GAG	AGA	GTG	GAA	GAA	GCA	AAA	CTG	CTG	GTG	TCC	CAA	GGA	GCA	AGT	ATT	690
Glu	Arg	Val	Glu	Glju	Ala	Lys	Leu	Leu	Val	Ser	GIn	Gly	Ala	Ser	lle	
		185					190					195				
TAC	ATT	GAG	AAT	AAA	GAA	GAA	AAG	ACA	CCC	CTG	CAA	GTG	GCC	AAA	GGT	738
Tyr	lle	Glu	Asn	Lys	Glu	Glu	Lys	Thr	Pro	Leu	Gln	Val	Ala	Lys	Gly	
	200					205					210					
								ATG				TAAA	ACA			780
Gly	Leu	Gly	Leu	lle	Leu	Lys	Arg	Met	Val	Glu	Gly					
215					220					225						

配列: 2

配列の長さ:226

配列の型:アミノ酸

トポロジー:直鎖状

配列の種類:蛋白質

配列

Met Glu Gly Cys Val Ser Asn Leu Met Val Cys Asn Leu Ala Tyr Ser

Gly Lys Leu Glu Glu Leu Lys Glu Ser lle Leu Ala Asp Lys Ser Leu

Ala Thr Arg Thr Asp Gln Asp Ser Arg Thr Ala Leu His Trp Ala Cys

Ser Ala Gly His Thr Glu Ile Val Glu Phe Leu Leu Gln Leu Gly Val

Pro Val Asn Asp Lys Asp Asp Ala Gly Trp Ser Pro Leu His Ile Ala

Ala Ser Ala Gly Arg Asp Glu Ile Val Lys Ala Leu Leu Gly Lys Gly

Ala Gln Val Asn Ala Val Asn Gln Asn Gly Cys Thr Pro Leu His Tyr

Ala Ala Ser Lys Asn Arg His Glu Ile Ala Val Met Leu Leu Glu Gly

Gly Ala Asn Pro Asp Ala Lys Asp His Tyr Glu Ala Thr Ala Met His

Arg Ala Ala Ala Lys Gly Asn Leu Lys Met Ile His Ile Leu Leu Tyr

Tyr Lys Ala Ser Thr Asn Ile Gln Asp Thr Glu Gly Asn Thr Pro Leu 165 170 175

His Leu Ala Cys Asp Glu Glu Arg Val Glu Glu Ala Lys Leu Leu Val 180 185 190

Ser Gln Gly Ala Ser Ile Tyr Ile Glu Asn Lys Glu Glu Lys Thr Pro 195 200 205

Leu Gln Val Ala Lys Gly Gly Leu Gly Leu Ile Leu Lys Arg Met Val 210 215 220

Glu Gly

225

配列: 3

配列の長さ:693

配列の型:核酸

鎖の数:二本鎖

トポロジー:直鎖状

配列の種類: cDNA

配列

ATG GAG GGG TGT GTG TCT AAC ATA ATG ATC TGT AAC CTG GCC TAC AGT

Met Glu Gly Cys Val Ser Asn Ile Met Ile Cys Asn Leu Ala Tyr Ser

5 10 15

GGG AAG CTG GAT GAG TTG AAG GAG CGC ATT TTG GCT GAT AAA TCT CTG 96

20 25 30

Gly Lys Leu Asp Glu Leu Lys Glu Arg lle Leu Ala Asp Lys Ser Leu

GCT ACT AGA ACT GAT CAG GAC AGC AGA ACA GCT TTG CAC TGG GCA TGC

144

Ala Thr Arg Thr Asp Gln Asp Ser Arg Thr Ala Leu His Trp Ala Cys

35 40 45

TCA	GCT	GGC	CAT	ACA	GAA	TTA	GTT	GAA	TTC	TTG	CTG	CAA	CTT	GGA	GTG	192
Ser	Ala	Gly	His	Thr	Glu	lle	Val	Glu	Phe	Leu	Leu	Gln	Leu	Gly	Val	
	50					55					60					
CCA	GTN	AAT	GAT	AAA	GAT	GAC	GCA	GGT	TGG	TCT	CCT	CTT	CAT	ATT	GCT	240
Pro	Val	Asn	Asp	Lys	Asp	Asp	Ala	Gly	Trp	Ser	Pro	Leu	His	He	Ala	
65					70					75					80	
GCC	TCC	GCT	GGC	CGG	GAT	GAG	ATT	GTA	AAA	GCC	CTT	CTG	GTG	AAA	GGT	288
Ala	Ser	Ala	Gly	Arg	Asp	Glu	He	Val	Lys	Ala	Leu	Leu	Val	Lys	Gly	
				85					90					95		
GCA	CAT	GTT	TAA	TCT	GTC	AAT	CAA	AAC	GGC	TGC	ACT	CCA	CTC	CAT	TAT	336
Ala	His	Val	Asn	Ser	Val	Asn	Gln	Asn	Gly	Cys	Thr	Pro	Leu	His	Tyr	
			100)				105	ı				110)		
GCA	GCT	TCC	G AAC	raa g	' AGG	CAT	GAG	TTA	тст	GTT	` ATG	TTA	CTA	GA/	GGT	384
Ala	. Ala	. Sei	r Lys	s Asr	Arg	His	Glu	ılle	Ser	Val	Met	Leu	Lei	ı Glu	ı Gly	
		11	5	-			120)				125	i			
GGC	GC'	AA 1	C CC	A GAT	r GC(G AAC	G GAC	C CAT	OAT 7	GAT	r GCT	r ACA	GC/	TA A	G CAC	432
Gly	/ Ala	a As	n Pr	o Ası	Ala	a Lys	s Ası	His	з Туг	- Ası	o Ala	a Thr	Ala	a Me	t His	
	13	0				135	5				140	0				
CG	G GC	A GC	A GC	C AA	G GG	T AAG	C TT	G AA	G AT	G GT	T CA	C AT	C CT	T CT	G TTC	480
Ar	g Al	a Al	a Al	a Ly	s Gl	y Ası	n Le	u Ly	s Me	t Va	1 Hi	s Il	e Le	u Le	u Phe	
14					15					15					160	
															T CT/	
Ту	r Ly	s Al	a Se	r Th	r As	n II	e G1	n As	p Th	r Gl	u Gl	y As	n Th		o Lei	
				16					17					17		
															rg gt(
Ηi	s Le	eu A	la Cy	s As	p Gl	u Gl	u Ar	·g Va	ıl Gl	u Gi	u Al	a Ly			eu Va	1
			18	30				18	35				19	90		

ACT CAA GGA GCA AGT ATT TAC ATT GAG AAT AAA GAA GAA AAG ACA CCC 624 Thr Gln Gly Ala Ser Ile Tyr Ile Glu Asn Lys Glu Glu Lys Thr Pro 195 200 205 CTG CAA GTT GCC AAA GGG GGC CTG GGT TTA ATA CTC AAG AGA CTA GCA 672 Leu Gln Val Ala Lys Gly Gly Leu Gly Leu Ile Leu Lys Arg Leu Ala 210 215 220 GAA AGT GAA GAG GCT TCT ATG TAG 720

Glu Ser Glu Glu Ala Ser Met

225

230

配列: 4

配列の長さ:231

配列の型:アミノ酸

トポロジー:直鎖状

配列の種類:蛋白質

配列

Met Glu Gly Cys Val Ser Asn Ile Met Ile Cys Asn Leu Ala Tyr Ser 5 1 10 15

Gly Lys Leu Asp Glu Leu Lys Glu Arg Ile Leu Ala Asp Lys Ser Leu 20 25 30

Ala Thr Arg Thr Asp Gln Asp Ser Arg Thr Ala Leu His Trp Ala Cys 35 40 45

Ser Ala Gly His Thr Glu Ile Val Glu Phe Leu Leu Gln Leu Gly Val 50 55 60

Pro Val Asn Asp Lys Asp Asp Ala Gly Trp Ser Pro Leu His Ile Ala 65 70 75 80

Ala Ser Ala Gly Arg Asp Glu lle Val Lys Ala Leu Leu Val Lys Gly

85 90 95 Ala His Val Asn Ser Val Asn Gln Asn Gly Cys Thr Pro Leu His Tyr
100 105 110

Ala Ala Ser Lys Asn Arg His Glu Ile Ser Val Met Leu Leu Glu Gly
115 120 125

Gly Ala Asn Pro Asp Ala Lys Asp His Tyr Asp Ala Thr Ala Met His 130 135 140

Arg Ala Ala Lys Gly Asn Leu Lys Met Val His Ile Leu Leu Phe
145 150 155 160

Tyr Lys Ala Ser Thr Asn Ile Gln Asp Thr Glu Gly Asn Thr Pro Leu 165 170 175

His Leu Ala Cys Asp Glu Glu Arg Val Glu Glu Ala Lys Phe Leu Val 180 185 190

Thr Gln Gly Ala Ser Ile Tyr Ile Glu Asn Lys Glu Glu Lys Thr Pro 195 200 205

Leu Gln Val Ala Lys Gly Gly Leu Gly Leu Ile Leu Lys Arg Leu Ala 210 215 220

Glu Ser Glu Glu Ala Ser Met

230

225

配列:5

配列の長さ:693

配列の型:核酸

鎖の数:二本鎖

トポロジー:直鎖状

配列の種類: cDNA

配列

48	AAC	TAC	GCC	CTG	AAC	TGT	GTC	ATG	CTA	AAC	TCT	GTG	TGT	GGG	GAG	ATG
	Asn	Tyr	Ala	Leu	Asn	Cys	Val	Met	Leu	Asn	Ser	Val	Cys	Gly	Glu	Met
		15					10					5				
96	CTG	TCT	AAG	GAT	GCT	TTG	ATT	AGC	GAA	AAG	TTG	GAG	GAT	CTG	AAG	GGG
	Leu	Ser	Lys	Asp	Ala	Leu	lle	Ser	Glu	Lys	Leu	Glu	Asp	Leu	Lys	Gly
			30					25					20			
144	TGC	GCA	TGG	CAC	TTG	GCA	ACA	AGA	AGC	GAC	CAG	GAT	ACT	AGA	ACT	GCC
	Ćys	Ala	Trp	His	Leu	Ala	Thr	Arg	Ser	Asp	Gln	Asp	Thr	Arg	Thr	Ala
				45					40					35		
192	GTG	GGA	CTT	CAA	CTG	TTG	TTC	GAA	GTT	ATT	GAA	ACA	CAT	GGT	GCT	TCA
	Val	Gly	Leu	Gln	Leu	Leu	Phe	Glu	Val	He	Glu	Thr	His	Gly	Ala	Ser
					60					55					50	
240	GCT	ATT	CAT	CTT	CCT	TCT	TGG	GGT	GCA	GAT	GAC	AAA	GAA	AAT	GTA	CCA
	Ala	lle	His	Leu	Pro	Ser	Trp	Gly	Ala	Asp	Asp	Lys	Glu	Asn	Val	Pro
	80					75					70					65
288	GGG	AAA	ATA	CTG	CTT	GCC	AAA	GTA	ATT	GAG	GAT	CGG	GGC	GCT	TCC	GCT
	Gly	Lys	lle	Leu	Leu	Ala	Lys	Val	He	Glu	Asp	Arg	Gly	Ala	Ser	Ala
		95					90					85				
336										AAT						
	Tyr	His	Leu	Ala	Thr	Cys	Gly		Gln	Asn	Val	Ala		Val	Gln	Ala
			110					105					100			
384										CAT						
	Gly	Glu	Leu	Leu	Met	Val	Ala	He		His	Arg	Asn	Lys		Ala	Ala
				125					120					115		
432										AAG						
	His	Met	Ala	Thr		Asp	Tyr	His		Lys	Ala	Asp	Pro			Gly
					140					135					130	

-																
CGG	GCA	GCA	GCC	AAG	GGT	AAC	TTG	AAG	ATG	GTT	CAT	ATC	CTT	CTG	TTC	480
Arg	Ala	Ala	Ala	Lys	Gly	Asn	Leu	Lys	Met	Val	His	Ile	Leu	Leu	Phe	
145					150					155					160	
TAC	AAA	GCA	TCC	ACA	AAC	ATC	CAA	GAT	ACT	GAG	GGT	AAC	ACT	CCT	CTA	528
Tyr	Lys	Ala	Ser	Thr	Asn	He	Gln	Asp	Thr	Glu	Gly	Asn	Thr	Pro	Leu	
				165					170					175		
CAC	TTA	GCC	TGT	GAT	GAG	GAG	AGA	GTG	GAA	GAA	GCA	AAA	TTG	CTG	GTG	576
His	Leu	Ala	Cys	Asp	Glu	Glu	Arg	Val	Glu	Glu	Ala	Lys	Leu	Leu	Val	
			180					185					190			
ACC	CAA	GGA	GCA	AGT	ATT	TAC	ATT	GAA	AAT	AAG	GAA	GAA	AAG	ACA	CCG	624
Thr	Gln	Gly	Ala	Ser	lle	Tyr	lle	Glu	Asn	Lys	Glu	Glu	Lys	Thr	Pro	
		195					200					205				
CTG	CAA	GTC	GCC	AAA :	GGG	GGC	CTG	GGT	ATT	ATA	СТС	AAA	AGA	ATC	GCA	672
Leu	Glr	ı Val	Ala	Lys	Gly	Gly	Leu	Gly	Leu	Ile	Leu	Lys	Arg	Ile	Ala	
	210)				215	i				220	1				
GAA	A AGT	r ga <i>a</i>	GAG	G GCT	TCT	ATG	TAC	ì								720
Glu	ı Sei	r Glu	ı Glu	ı Ala	a Ser	Met	•									
225	5				230)										
配列	列:	6														
配列	削の	長さ	:	2 3	1											
配	別の	型:	ア	ミノ	酸											
> :	ポロ	ジー	- : ī	直鎖	状											
配	列の	種類	1 :	蛋白	質											
配														_		
Me	t Gl	u Gl	у Су			r As	n Le	u Me			s As	n Le	u Ala		r Asn	
	1				5				1	0				1	ხ	

Gly	Lys	Leu	Asp	Glu	Leu	Lys	Glu	Ser	lle	Leu	Ala	Asp	Lys	Ser	Leu
			20					25					30		
Ala	Thr	Arg	Thr	Asp	Gln	Asp	Ser	Arg	Thr	Ala	Leu	His	Trp	Ala	Cys
		35					40					45			
Ser	Ala	Gly	His	Thr	Glu	Пе	Val	Glu	Phe	Leu	Leu	Gln	Leu	Gly	Val
	50					55					60				
Pro	Val	Asn	Glu	Lys	Asp	Asp	Ala	Gly	Trp	Ser	Pro	Leu	His	He	Ala
65					70					75					80
Ala	Ser	Ala	Gly	Arg	Asp	Glu	Ile	Val	Lys	Ala	Leu	Leu	He	Lys	Gly
				85					90					95	
Ala	Gln	Val	Asn	Ala	Val	Asn	Gln	Asn	Gly	Cys	Thr	Ala	Leu	His	Tyr
			100					105					110		
Ala	Ala	Ser	Lys	Asn	Arg	His	Glu	lle	Ala	Val	Met	Leu	Leu	Glu	Gly
		115					120					125			
Gly	Ala	Asn	Pro	Asp	Ala	Lys	Asn	His	Tyr	Asp	Ala	Thr	Ala	Met	His
	130					135					140				
Arg	Ala	Ala	Ala	Lys	Gly	Asn	Leu	Lys	Met	Val	His	lle	Leu	Leu	Phe
145					150					155					160
Tyr	Lys	Ala	Ser		Asn	lle	Gin	Asp	Thr	Glu	Gly	Asn	Thr	Pro	Leu
				165					170					175	
His	Leu	Ala		Asp	Glu	Glu	Arg		Glu	Glu	Ala	Lys	Leu	Leu	Val
			180					185				•	190		
Thr	Gln		Ala	Ser	lle	Tyr	lle	Glu	Asn	Lys	Glu	Glu	Lys	Thr	Pro
		195					200					205			
Leu	Gln	Val	Ala	Lys	Gly	Gly	Leu	Gly	Leu	lle	Leu	Lys	Arg	lle	Val
	210					215					220				

WO 99/18201

Glu Ser Glu Glu Ala Ser Met

225

230

配列: 7

配列の長さ:15

配列の型:アミノ酸

トポロジー:直鎖状

配列の種類:ペプチド

配列

Met Glu Gly Cys Val Ser Asn Leu Met Val Cys Asn Leu Ala Tyr

1

5

10

15

配列:8

配列の長さ:20

配列の型:核酸

鎖の数:一本鎖

トポロジー:直鎖状

配列の種類: Synthetic DNA

配列

CCTGTCGCT TTACCTCCCCA

20

配列: 9

配列の長さ:20

配列の型:核酸

鎖の数:一本鎖

トポロジー:直鎖状

配列の種類: Synthetic DNA

配列

TACCTCCCA CACACAGATT

20

請求の範囲

- 1. 配列番号:2に示す14位のAlaから226位のGlyまでのアミノ酸配列から成り、且つガンキリン(gankyrin)の生物学的活性を有するポリペプチド。
- 2. 配列番号: 2に示す14位のAlaから226位のGlyまでのアミノ酸配列において1又は複数個のアミノ酸の欠失、付加及び/又は他のアミノ酸による置換により修飾されたアミノ酸配列から成り、且つガンキリンの生物学的活性を維持しているポリペプチド。
- 3. 配列番号:2に示す1位のMetから226位のGlyまでのアミノ酸配列から成り、ガンキリンの生物学的活性を有するポリペプチド。
- 4. 配列番号: 2に示す 1 位のMetから226位のGlyまでのアミノ酸配列において1又は複数個のアミノ酸の欠失、付加及び/又は他のアミノ酸による置換により修飾されたアミノ酸配列から成り、且つガンキリンの生物学的活性を維持しているポリペプチド
- 5. 配列番号: 1 に示す塩基配列を有する D N A と、ストリンジェントな条件下でハイブリダイズすることができる D N A によりコードされており、且つガンキリンの生物学的性質を有するポリペプチド。
- 6. 配列番号: 4に示す14位のAlaから231位のMetまでのアミノ酸配列から成り、且つガンキリン(gankyrin)の生物学的活性を有するポリペプチド。
- 7. 配列番号: 4に示す 1 4 位の A 1 a から 2 3 1 位の M e t までのアミノ酸配列において 1 又は複数個のアミノ酸の欠失、付加及

び/又は他のアミノ酸による置換により修飾されたアミノ酸配列から成り、且つガンキリンの生物学的活性を維持しているポリペプチド。

- 8. 配列番号: 4に示す1位のMetから231位のMetまでのアミノ酸配列から成り、ガンキリンの生物学的活性を有するポリペプチド。
- 9. 配列番号: 4に示す1位のMetから231位のMetまでのアミノ酸配列において1又は複数個のアミノ酸の欠失、付加及び/又は他のアミノ酸による置換により修飾されたアミノ酸配列から成り、且つガンキリンの生物学的活性を維持しているポリペプチド。
- 10. 配列番号: 3に示す塩基配列を有するDNAと、ストリンジェントな条件下でハイブリダイズすることができるDNAによりコードされており、且つガンキリンの生物学的性質を有するポリペプチド。
- 11. 配列番号: 6 に示す 1 4 位の A 1 a から 2 3 1 位の M e t までのアミノ酸配列から成り、且つガンキリン(gankyrin)の生物学的活性を有するポリペプチド。
- 12. 配列番号:6に示す14位のAlaから231位のMetまでのアミノ酸配列において1又は複数個のアミノ酸の欠失、付加及び/又は他のアミノ酸による置換により修飾されたアミノ酸配列から成り、且つガンキリンの生物学的活性を維持しているポリペプチド。
- 13. 配列番号: 6 に示す 1 位のMetから231位のMetまでのアミノ酸配列から成り、ガンキリンの生物学的活性を有するポリペプチド。
 - 14. 配列番号:6に示す1位のMetから231位のMetまで

のアミノ酸配列において1又は複数個のアミノ酸の欠失、付加及び /又は他のアミノ酸による置換により修飾されたアミノ酸配列から 成り、且つガンキリンの生物学的活性を維持しているポリペプチド 。

- 15. 配列番号: 5 に示す塩基配列を有する D N A と、ストリンジェントな条件下でハイブリダイズすることができる D N A によりコードされており、且つガンキリンの生物学的性質を有するポリペプチド。
- 16. 請求項1、2、5、6、7、10、11、12又は15に記載のポリペプチドにシグナル配列が付加されたシグナル付加ポリペプチド。
- 17. 請求項 1~16のいずれか1項に記載のポリペプチドと他のペプチド又はポリペプチドとから成る融合ポリペプチド。
- 18. 請求項 1 ~ 1 7 のいずれか 1 項に記載のポリペプチドをコードする D N A。
 - 19. 請求項18に記載のDNAを含んで成るベクター。
 - 20. 請求項19に記載のベクターにより形質転換された宿主。
- 21. 請求項 1 ~ 1 7 のいずれか 1 項に記載のポリペプチドの製造方法であって、該ポリペプチドをコードする D N A を含んで成る発現ベクターにより形質転換された宿主を培養し、該培養物から目的ポリペプチドを採取することを特徴とする方法。
- 22. 請求項1~17のいずれか1項に記載のポリペプチドに対して特異的に反応する抗体。
 - 23. モノクローナル抗体である請求項22に記載の抗体。
 - 24. ポリクローナル抗体である、請求項22に記載の抗体。
- 25. 請求項22~24のいずれか1項に記載の抗体と、ガンキリンポリペプチドが含まれると予想される試料とを接触せしめ、前記

抗体とガンキリンポリペプチドとの免疫複合体の生成を検出又は測定することを含んで成るガンキリンポリペプチドの検出又は測定方法。

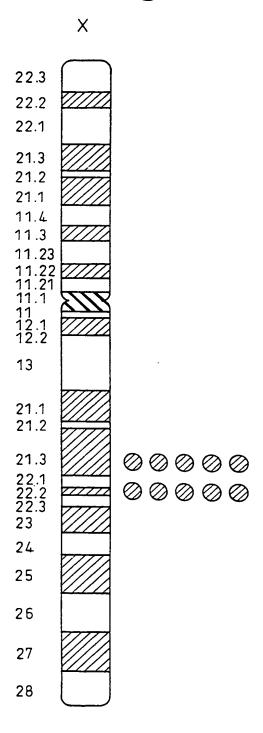
- 26. 配列番号:1に記載の塩基配列中のいずれかの箇所にハイブリダイズするアンチセンスオリゴヌクレオチド。
- 27. 配列番号:1に記載の塩基配列中の連続する少なくとも20個以上のヌクレオチドに対するアンチセンスオリゴヌクレオチド。
- 28. 前記連続する少なくとも20個以上のヌクレオチドが翻訳開始コドンを含む、請求項27に記載のアンチセンスオリゴヌクレオチド。
- 29. ガンキリンポリペプチドとRbとの結合に対するガンキリンポリペプチドのアゴニスト又はアンタゴニストのスクリーニング方法において、Rbの存在下でガンキリンポリペプチド又はガンキリンポリペプチド含有物と、ガンキリンポリペプチドのアゴニスト又はアンタゴニストを含むと予想される試料とを接触せしめ、そして遊離のガンキリンポリペプチド又はRbを検出する、ことを特徴とする方法。
- 30. 前記ガンキリンポリペプチド含有物が、ガンキリンポリペプチドを発現する細胞の溶解物である、請求項29に記載の方法。
- 31. ガンキリンポリペプチドとNF κ B との結合に対するガンキリンポリペプチドのアゴニスト又はアンタゴニストのスクリーニング方法において、NF κ B の存在下でガンキリンポリペプチド又はガンキリンポリペプチド含有物と、ガンキリンポリペプチドのアゴニスト又はアンタゴニストを含むと予想される試料とを接触せしめ、遊離のガンキリンポリペプチド又はNF κ B を検出する、ことを特徴とする方法。
 - 32. 前記ガンキリンポリペプチド含有物が、ガンキリンポリペプ

チドを発現する細胞の溶解物である、請求項31に記載の方法。

- 33. 請求項 2 9 ~ 3 2 のいずれか 1 項に記載のスクリーニング方法により得られたガンキリンポリペプチドのアゴニスト。
- 34. 請求項 2 9 ~ 3 2 のいずれか 1 項に記載のスクリーニング方法により得られたガンキリンポリペプチドのアンタゴニスト。

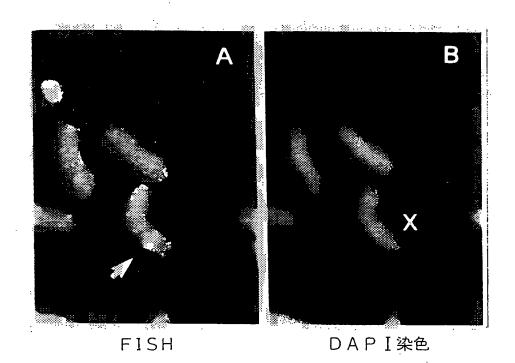
HIS PAGE BLANK USPIO

Fig.1



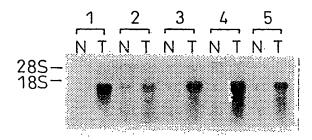
THIS PAGE BLANK (USPTO)

Fig.2



THIS PACE BLANTA WELLS

Fig.3

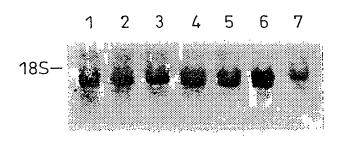


ガンキリン

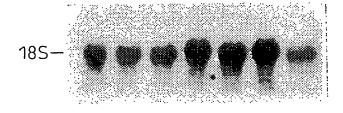


18S rRNA

Fig.4



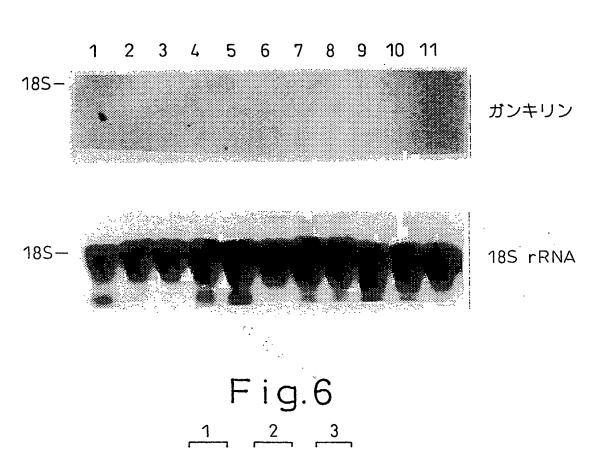
ガンキリン



18S rRNA

THIS PACE BLANK USPEN

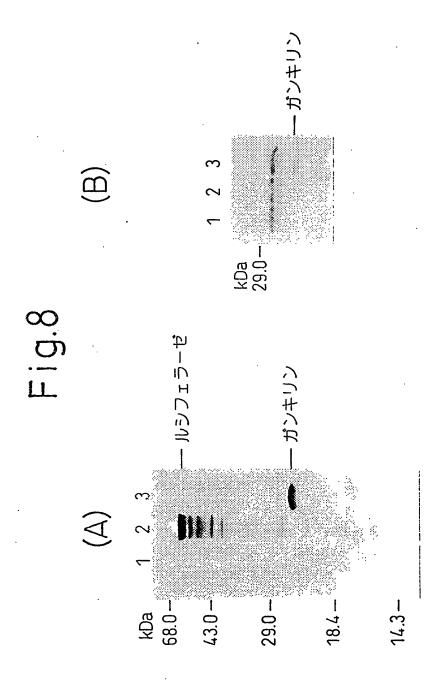
Fig.5



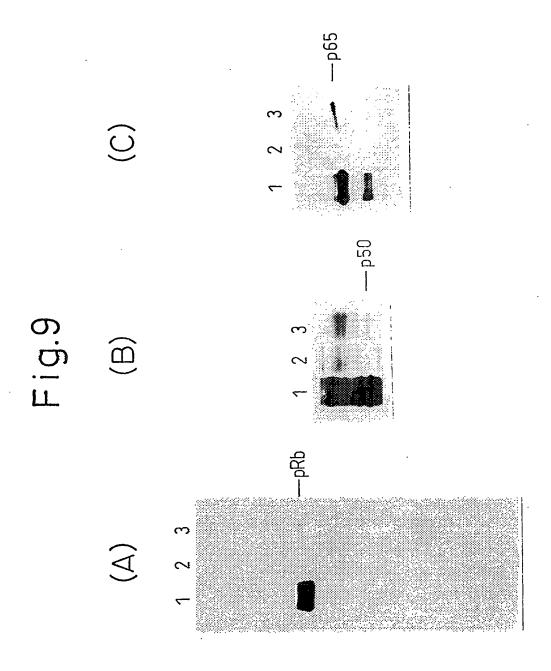


FACE BLANK (USPIO)

WO 99/18201

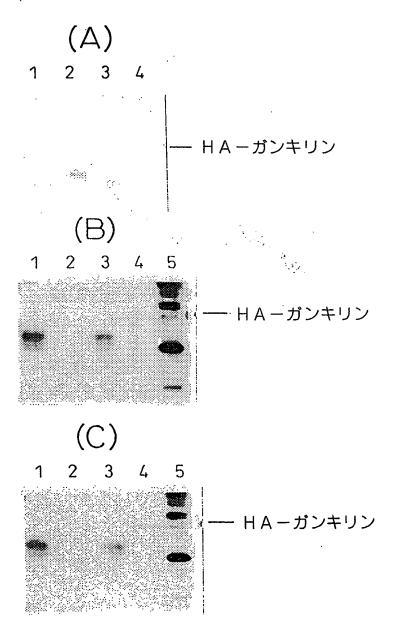


HIS PAGE BLANK (USPTO)

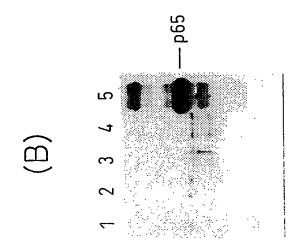


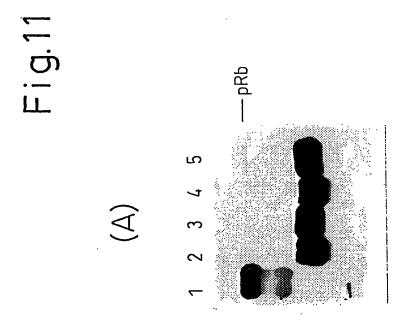
White the way of the second

Fig.10



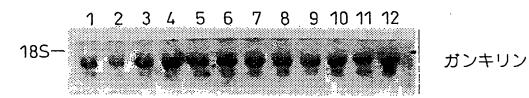
AGE BLANK USPIO





FAGE BLANK USPIC

Fig.12



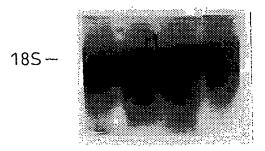


Wife St. A. G.E. BLANK Com.

Fig.13

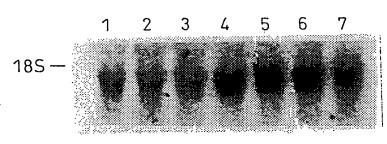


ガンキリン

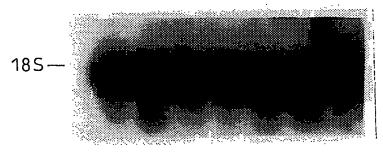


18S rRNA

Fig.14



ガンキリン



18S rRNA

THIS F. T. S. BI ANK IUSPIO

Fig.15

ガンキリン	(//,6///)
アンキリン	////22///
NF - κ B	
IκΒ	5-7///
p16	
GABP	//,5///
Notch [5
lin-12,glp-1	6.7
fem-1	/,6//
Mbp1,cdc10	
hr	
αーラトロトキシン[19///

PCT/JP98/04467

配列表

WO 99/18201

SEQUENCE LISTING

<110)>	FU	JITA	A Ju	n											
<120)>	Ga	nkyı	rin												
<130) >	F8	84-I	РСТ												
<150)>	JP	9 - 2	2862	14											
<151	>	19	97-1	0 - 0	3											
< 160)>	9														
<210)>	1														
<211	>	78	0													
<212	?>	DN.	A													
<213	}>	Hu	man													
<223	}>	DN.	A co	od i n	g f	or l	huma	in g	ank	yrin	1					
< 400)>	1														
tggt	gaag	gct (ctaac	egge	tg ti	tttga	actg	g cg	tagco	cgga	gccį	ggcga	acg	tgagg	gcgggc	: 60
gttg	gctcg	gcg (cgaca	agta	ng ti	tgctg	ggga	c ag	cgaa	atg	gag	ggg	tgt	gtg	tct	114
										Met	Glu	Gly	Cys	Val	Ser	
										1				5		
aac	cta	atg	gtc	tgc	aac	ctg	gcc	tac	agc	ggg	aag	ctg	gaa	gag	ttg	162
Asn	Leu	Met	Val	Cys	Asn	Leu	Ala	Tyr	Ser	Gly	Lys	Leu	Glu	Glu	Leu	
			10					15					20			
aag	gag	agt	att	ctg	gcc	gat	aaa	tcc	ctg	gct	act	aga	act	gac	cag	210
Lys	Glu	Ser	lle	Leu	Ala	Asp	Lys	Ser	Leu	Ala	Thr	Arg	Thr	Asp	Gln	
		25					30					35				
gac	agc	aga	act	gca	ttg	cac	tgg	gca	tgc	tca	gct	gga	cat	aca	gaa	258
Asp	Ser	Arg	Thr	Ala	Leu	His	Trp	Ala	Cys	Ser	Ala	Gly	His	Thr	Glu	
	40					45					50					

FRUE BLANK (USPTO)

O 99/	18201										`			P	CT/JP98	3/04467
att	gtt	gaa	ttt	ttg	ttg	caa	ctt	gga	gtg	cca	gtg	aat	gat	aaa	gac	306
lle	Val	Glu	Phe	Leu	Leu	Gln	Leu	Gly	Val	Pro	Val	Asn	Asp	Lys	Asp	
5 5					60					65					70	
gat	gca	ggt	tgg	tct	cct	ctt	cat	att	gcg	gct	tct	gct	ggc	cgg	gat	354
Asp	Ala	Gly	Trp	Ser	Pro	Leu	His	lle	Ala	Ala	Ser	Ala	Gly	Arg	Asp	
				75					80					85		
gag	att	gta	aaa	gcc	ctt	ctg	gga	aaa	ggt	gct	caa	gtg	aat	gct	gtc	402
Glu	lle	Val	Lys	Ala	Leu	Leu	Gly	Lys	Gly	Ala	Gln	Val	Asn	Ala	Val	
			90					95					100			
aat	caa	aat	ggc	tgt	act	ccc	tta	cat	tat	gca	gct	tcg	aaa	aac	agg	450
Asn	Gln	Asn	Gly	Cys	Thr	Pro	Leu	His	Tyr	Ala	Ala	Ser	Lys	Asn	Arg	
		105					110					115				
cat	gag	atc	gct	gtc	atg	tta	ctg	gaa	ggc	ggg	gct	aat	cca	gat	gct	498
His	Glu	lle	Ala	Val	Met	Leu	Leu	Glu	Gly	Gly	Ala	Asn	Pro	Asp	Ala	
	120					125					130					
aag	gac	cat	tat	gag	gct	aca	gca	atg	cac	cgg	gca	gca	gcc	aag	ggt	546
Lys	Asp	His	Tyr	Glu	Ala	Thr	Ala	Met	His	Arg	Ala	Ala	Ala	Lys	Gly	
135					140					145					150	
aac	ttg	aag	atg	att	cat	atc	ctt	ctg	tac	tac	aaa	gca	tcc	aca	aac	594
Asn	Leu	Lys	Met	I l.e	His	lle	Leu	Leu	Tyr	Tyr	Lys	Ala	Ser	Thr	Asn	
				155					160					165		
atc	caa	gac	act	gag	ggt	aac	act	cct	cta	cac	tta	gcc	tgt	gat	gag	642
lle	Gln	Asp	Thr	Glu	Gly	Asn	Thr	Pro	Leu	His	Leu	Ala	Cys	Asp	Glu	
			170					175					180			
gag	aga	gtg	gaa	gaa	gca	aaa	ctg	ctg	gtg	tcc	caa	gga	gca	agt	att	690
Glu	Arg	Val	Glu	Glu	Ala	Lys	Leu	Leu	Val	Ser	Gln	Gly	Ala	Ser	lle	
		185					190					195				

•													,			
.WO 99/															CT/JP9	8/04467
tac	att	gag	aat	aaa	gaa	gaa	aag	aca	ccc	ctg	caa	gtg	gcc	aaa	ggt	738
Tyr	lle	Glu	Asn	Lys	Glu	Glu	Lys	Thr	Pro	Leu	Gln	Val	Ala	Lys	Gly	
:	200					205					210					
ggc	ctg	ggt	tta	ata	ctc	aag	aga	atg	gtg	gaa	ggt	taaa	aca			780
Gly	Leu	Gly	Leu	Ile	Leu	Lys	Arg	Met	Val	Glu	Gly					
215					220					225						
<210	>	2														
<211	>	22	6													
<212	>	PR	Т													
<213	>	Hu	man													
<223	>	Am	ino	aci	d s	equ	ence	of	hui	nan	gan	kyr	i n			
< 400	>	2														
Met	Glu	Gly	Cys	Val	Ser	Asn	Leu	Met	Val	Cys	Asn	Leu	Ala	Tyr	Ser	
1				5					10					15		
Gly	Lys	Leu	Glu	Glu	Leu	Lys	Glu	Ser	lle	Leu	Ala	Asp	Lys	Ser	Leu	
			20					25					30			
Ala	Thr	Arg	Thr	Asp	Gln	Asp	Ser	Arg	Thr	Ala	Leu	His	Trp	Ala	Cys	
		35					40					45				
Ser	Ala	Gly	His	Thr	Glu	lle	Val	Glu	Phe	Leu	Leu	Gln	Leu	Gly	Val	
	50					55					60					
Pro	Val	Asn	Asp	Lys	Asp	Asp	Ala	Gly	Trp	Ser	Pro	Leu	His	lle	Ala	
65					70					75					80	
Ala	Ser	Ala	Gly	Arg	Asp	Glu	Ile	Val	Lys	Ala	Leu	Leu	Gly	Lys	Gly	
				85					90					95		
Ala	Gln	Val	Asn	Ala	Val	Asn	Gln	Asn	Gly	Cys	Thr	Pro	Leu	His	Tyr	
			100					105					110			

WO 99/18201 . PCT/JP98/04467

Ala Ala Ser Lys Asn Arg His Glu lle Ala Val Met Leu Leu Glu Gly
115 120 125

Gly Ala Asn Pro Asp Ala Lys Asp His Tyr Glu Ala Thr Ala Met His

130 135 140

Arg Ala Ala Lys Gly Asn Leu Lys Met lle His Ile Leu Leu Tyr 145 150 155 160

Tyr Lys Ala Ser Thr Asn lle Gln Asp Thr Glu Gly Asn Thr Pro Leu 165 170 175

His Leu Ala Cys Asp Glu Glu Arg Val Glu Glu Ala Lys Leu Leu Val 180 185 190

Ser Gln Gly Ala Ser Ile Tyr Ile Glu Asn Lys Glu Glu Lys Thr Pro 195 200 205

Leu Gln Val Ala Lys Gly Gly Leu Gly Leu Ile Leu Lys Arg Met Val
210 215 220

Glu Gly

225

<210> 3

<211> 693

<212> DNA

<213> Mouse

<223> DNA coding for mouse gankyrin

<400> 3

atg gag ggg tgt gtg tct aac ata atg atc tgt aac ctg gcc tac agt Met Glu Gly Cys Val Ser Asn Ile Met Ile Cys Asn Leu Ala Tyr Ser

5 10 15

48

			,													
.WO 99	/1820	1												F	CT/JP98	04467
ggg	aag	ctg	gat	gag	ttg	aag	gag	cgc	att	ttg	gct	gat	aaa	tct	ctg	96
Gly	Lys	Leu	Asp	Glu	Leu	Lys	Glu	Arg	lle	Leu	Ala	Asp	Lys	Ser	Leu	
			20					25					30			
gct	act	aga	act	gat	cag	gac	agc	aga	aca	gct	ttg	cac	tgg	gca	tgc	144
Ala	Thr	Arg	Thr	Asp	Gln	Asp	Ser	Arg	Thr	Ala	Leu	His	Trp	Ala	Cys	٠
		35					40				•	45				
tca	gct	ggc	cat	aca	gaa	att	gtt	gaa	ttc	ttg	ctg	caa	ctt	gga	gtg	192
Ser	Ala	Gly	His	Thr	Glu	Пе	Val	Glu	Phe	Leu	Leu	Gln	Leu	Gly	Val	
	50					55					60					
cca	gtn	aa t	gat	aaa	gat	gac	gca	ggt	tgg	tct	cct	ctt	cat	att	gct	240
Pro	Val	Asn	Asp	Lys	Asp	Asp	Ala	Gly	Trp	Ser	Pro	Leu	His	lle	Ala	
65					70					75					80	
gcc	tcc	gct	ggc	cgg	gaţ	gag	att	gta	aaa	gcc	ctt	ctg	gtg	aaa	ggt	288
Ala	Ser	Ala	Gly	Arg	Asp	Glu	Ile.	Val	Lys	Ala	Leu	Leu	Val	Lys	Gly	
				85					90					95		
gca	cat	gtt	aat	tct	gtc	aa t	caa	aac	ggc	tgc	act	cca	ctc	cat	tat	336
Ala	His	Val	Asn	Ser	Val	Asn	Gln	Asn	Gly	Cys	Thr	Pro	Leu	His	Tyr	
			100					105					110			
gca	gct	tcg	aag	aat	agg	cat	gag	att	tct	gtt	atg	tta	cta	gaa	ggt	384
Ala	Ala	Ser	Lys	Asn	Arg	His	Glu	lle	Ser	Val	Met	Leu	Leu	Glu	Gly	
		115					120					125				
ggg	gct	aac	cca	gat	gcg	aag	gac	cat	tac	gat	gct	aca	gca	atg	cac	432
Gly	Ala	Asn	Pro	Asp	Ala	Lys	Asp	His	Tyr	Asp	Ala	Thr	Ala	Met	His	

cgg gca gcc aag ggt aac ttg aag atg gtt cac atc ctt ctg ttc 480 Arg Ala Ala Ala Lys Gly Asn Leu Lys Met Val His lle Leu Leu Phe 145

VO 99	/1820	1												F	CT/JP98	/04467
tac	aaa	gca	tcc	aca	aac	atc	caa	gac	act	gag	ggt	aac	act	cct	cta	528
Tyr	Lys	Ala	Ser	Thr	Asn	lle	Gln	Asp	Thr	Glu	Gly	Asn	Thr	Pro	Leu	
				165					170					175		
cac	tta	gcc	tgt	gat	gaa	gag	aga	gtg	gaa	gag	gca	aaa	ttt	ctg	gtg	576
His	Leu	Ala	Cys	Asp	Glu	Glu	Arg	Val	Glu	Glu	Ala	Lys	Phe	Leu	Val	
			180					185					190			
act	caa	gga	gca	agt	att	tac	att	gag	a a t	aaa	gaa	gaa	aag	aca	ccc	624
Thr	Gln	Gly	Ala	Ser	lle	Tyr	lle	Glu	Asn	Lys	Glu	Glu	Lys	Thr	Pro	
		195					200					205				
ctg	caa	gtt	gcc	aaa	ggg	ggc	ctg	ggt	tta	ata	ctc	aag	aga	cta	gca	672
Leu	Gln	Val	Ala	Lys	Gly	Gly	Leu	Gly	Leu	lle	Leu	Lys	Arg	Leu	Ala	
	210					215					220					
gaa	agt	gaa	gag	gct	tct	atg	tag		ı							720
Glu	Ser	Glu	Glu	Ala	Ser	Met				•	٠,					
225					230											
<210)>	4														
<211	\ >	23	1													
<212	2>	PR	T													
<213	3>	Мо	use													
<223	3>	Am	i no	aci	d s	e q u	ence	e of	m o	use	gan	kyr	i n			
< 400)>	4														
Met	Glu	Gly	Cys	Val	Ser	Asn	lle	Met	lle	Cys	Asn	Leu	Ala	Tyr	Ser	
1				5					10					15		
Gly	Lys	Leu	Asp	Glu	Leu	Lys	Glu	Arg	lle	Leu	Ala	Asp	Lys	Ser	Leu	
			20					25					30			
Ala	Thr	Arg	Thr	Asp	Gln	Asp	Ser	Arg	Thr	Ala	Leu	His	Trp	Ala	Cys	
		35					40					45				

THIS PAGE BLANK (USP (E)

WO 99/18201 PCT/JP98/04467

VO 99)/1820)1										-		,	PCT/JPS
Ser	Ala	Gly	His	Thr	Glu	lle	Val	Glu	Phe	Leu	Leu	Gln	Leu	Gly	Val
	50					55					60				
Pro	Val	Asn	Asp	Lys	Asp	Asp	Ala	Gly	Trp	Ser	Pro	Leu	His	lle	Ala
65					70					75					80
Ala	Ser	Ala	Gly	Arg	Asp	Glu	lle	Val	Lys	Ala	Leu	Leu	Val	Lys	Gly
				85					90					95	
Ala	His	Val	Asn	Ser	Val	Asn	Gln	Asn	Gly	Cys	Thr	Pro	Leu	His	Tyr
			100					105					110		
Ala	Ala	Ser	Lys	Asn	Arg	His	Glu	lle	Ser	Val	Met	Leu	Leu	Glu	Gly
		115					120					125			
Gly	Ala	Asn	Pro	Asp	Ala	Lys	Asp	His	Tyr	Asp	Ala	Thr	Ala	Met	His
	130					135					140				
Arg	Ala	Ala	Ala	Lys	Gly	Asn	Leu	Lys	Met	Val	His	Ile	Leu	Leu	Phe
145					150					155					160
Tyr	Lys	Ala	Ser	Thr	Asn	lle	Gln	Asp	Thr	Glu	Gly	Asn	Thr	Pro	Leu
				165					170					175	
His	Leu	Ala	Cys	Asp	Glu	Glu	Arg	Val	Glu	Glu	Ala	Lys	Phe	Leu	Val
			180					185					190		
Thr	Gln	Gly	Ala	Ser	lle	Tyr	He	Glu	Asn	Lys	Glu	Glu	Lys	Thr	Pro
		195					200					205			
Leu	Gln	Val	Ala	Lys	Gly	Gly	Leu	Gly	Leu	lle	Leu	Lys	Arg	Leu	Ala
	210					215					220				
Glu	Ser	Glu	Glu	Ala	Ser	Met									
225					230										
<210)>	5													

7 / 1 2

<211>

<212>

693

DNA

THIS PAGE BLANK WSPICE

												N.				
wo	99/18	3201												•	PCT	/JP98/04
<213	3>	Ra	t													
<223	3>	DN.	A co	din	g f	or i	rat	gan	kyr	i n						
< 400)>	5														
atg	gag	ggg	tgt	gtg	tct	aac	cta	atg	gtc	tgt	aac	ctg	gcc	tac	aac	* 48
Met	Glu	Gly	Cys	Val	Ser	Asn	Leu	Met	Val	Cys	Asn	Leu	Ala	Tyr	Asn	
				5					10					15		
ggg	aag	ctg	gat	gag	ttg	aag	gaa	agc	att	ttg	gct	gat	aag	tct	ctg	96
Gly	Lys	Leu	Asp	Glu	Leu	Lys	Glu	Ser	He	Leu	Ala	Asp	Lys	Ser	Leu	
			20					25					30			
gcc	act	aga	act	gat	cag	gac	agc	aga	aca	gca	ttg	cac	tgg	gca	tgc	144
Ala	Thr	Arg	Thr	Asp	Gln	Asp	Ser	Arg	Thr	Ala	Leu	His	Trp	Ala	Cys	
		35					40					45				
tca	gct	ggt	cat	aca	gaa	att	gtt	gaa	ttc	ttg	ctg	caa	ctt	gga	gtg	192
Ser	Ala	Gly	His	Thr	Glu	Ile	Val	Glu	Phe	Leu	Leu	Gln	Leu	Gly	Val	
	50					55					60	.*				
cca	gta	aat	gaa	aaa	gac	gat	gca	ggt	tgg	tct	cct	ctt	cat	att	gct	240
Pro	Val	Asn	Glu	Lys	Asp	Asp	Ala	Gly	Trp	Ser	Pro	Leu	His	lle	Ala	
65					70					75					80	
gct	tcc	gct	ggc	cgg	gat	gag	att	gta	aaa	gcc	ctt	ctg	ata	aaa	ggg	288
Ala	Ser	Ala	Gly	Arg	Asp	Glu	lle	Val	Lys	Ala	Leu	Leu	lle	Lys	Gly	
				85					90					95		
gca	caa	gtg	aat	gcc	gtc	aat	cag	aat	ggc	tgc	acg	gcc	ctt	cat	tat	336
Ala	Gln	Val	Asp	Ala	Val	Asn	Gln	Asn	Gly	Cys	Thr	Ala	Leu	His	Tyr	
			100					105					110			

gca gct tcc aag aat agg cat gag att gct gtt atg tta cta gaa ggt Ala Ala Ser Lys Asn Arg His Glu Ile Ala Val Met Leu Leu Glu Gly

WO 99	/1820	1												P	CT/JP98	/04467
ggg	gct	aat	cca	gat	gct	aag	aac	cat	tat	gat	gct	aca	gca	atg	cac	432
Gly	Ala	Asn	Pro	Asp	Ala	Lys	Asn	His	Tyr	Asp	Ala	Thr	Ala	Met	His	
	130					135					140					
cgg	gca	gca	gcc	aag	ggt	aac	ttg	aag	atg	gtt	cat	atc	ctt	ctg	tcc	480
Arg	Ala	Ala	Ala	Lys	Gly	Asn	Leu	Lys	Met	Val	His	lle	Leu	Leu	Phe	
145					150					155					160	
tac	aaa	gca	tcc	aca	aac	atc	caa	gat	act	gag	ggt	aac	act	cct	cta	528
Tyr	Lys	Ala	Ser	Thr	Asn	lle	Gln	Asp	Thr	Glu	Gly	Asn	Thr	Pro	Leu	
				165					170					175		
cac	tta	gcc	tgt	gat	gag	gag	aga	gtg	gaa	gaa	gca	aaa	ttg	ctg	gtg	576
His	Leu	Ala	Cys	Asp	Glu	Glu	Arg	Val	Glu	Glu	Ala	Lys	Leu	Leu	Val	
			180					185					190			
acc	caa	gga	gca	agt	att	tac	att	gaa	aat	aag	gaa	gaa	aag	aca	ccg	624
Thr	Gln	Gly	Ala	Ser	lle	Tyr	lle	Glu	Asn	Lys	Glu	Glu	Lys	Thr	Pro	
		195					200					205				
ctg	caa	gtc	gcc	aaa	ggg	ggc	ctg	ggt	tta	ata	ctc	aaa	aga	atc	gca	672
Leu	Gln	Val	Ala	Lys	Gly	Gly	Leu	Gly	Leu	lle	Leu	Lys	Arg	lle	Ala	
	210					215					220					
gaa	agt	gaa	gag	gct	tct	atg	tag									720
Glu	Ser	Glu	Glu	Ala	Ser	Met										
225					230											
<210)>	6														
<21	l >	23	1													
<213	2>	PR	T													
<21	3>	Ra	t													
<223	3>	Am	ino	ас	id s	equ	enc	e of	ra	t g	a n k y	rin				
< 40	0>	6														

WO 99	/ 1820 1	1												. P	CT/JP98/04467
Met	Glu	Gly	Cys	Val	Ser	Asn	Leu	Met	Val	Cys	Asn	Leu	Ala	Tyr	Asn
1				5					10					15	
Gly	Lys	Leu	Asp	Glu	Leu	Lys	Glu	Ser	Ile	Leu	Ala	Asp	Lys	Ser	Leu
			20					25					30		
Ala	Thr	Arg	Thr	Asp	Gln	Asp	Ser	Arg	Thr	Ala	Leu	His	Trp	Ala	Cys
		35					40					45			
Ser	Ala	Gly	His	Thr	Glu	lle	Val	Glu	Phe	Leu	Leu	Gln	Leu	Gly	Val
	50					55					60				
Pro	Val	Asn	Glu	Lys	Asp	Asp	Ala	Gly	Trp	Ser	Pro	Leu	His	Ile	Ala
6 5					70					75					80
Ala	Ser	Ala	Gly	Arg	Asp	Glu	Ile	Val	Lys	Ala	Leu	Leu	lle	Lys	Gly
				85					90					95	
Ala	Gln	Val	Asn	Ala	Val	Asn	Gln	Asn	Gly	Cys	Thr	Ala	Leu	His	Tyr
			100					105		•			110		
Ala	Ala	Ser	Lys	Asn	Arg	His	Glu	lle	Ala	Val	Met	Leu	Leu	Glu	Gly
		115					120					125			
Gly	Ala	Asn	Pro	Asp	Ala	Lys	Asn	His	Tyr	Asp	Ala	Thr	Ala	Met	His
	130					135					140				
Arg	Ala	Ala	Ala	Lys	Gly	Asn	Leu	Lys	Met	Val	His	Ile	Leu	Leu	Phe
145				•	150					155					160
Tyr	Lys	Ala	Ser	Thr	Asn	lle	Gln	Asp	Thr	Glu	Gly	Asn	Thr	Pro	Leu
				165					170					175	
His	Leu	Ala	Cys	Asp	Glu	Glu	Arg	Val	Glu	Glu	Ala	Lys	Leu	Leu	Val
			180					185					190		
Thr	Gln	Gly	Ala	Ser	lle	Tyr	lle	Glu	Asn	Lys	Glu	Glu	Lys	Thr	Pro
		195					200					205			

WO 99/18201 PCT/JP98/04467

Leu Gln Val Ala Lys Gly Gly Leu Gly Leu lle Leu Lys Arg lle Val

210

215

220

Glu Ser Glu Glu Ala Ser Met

225

230

<210> 7

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220> C-tarminal part of human gankyrin

<223>

<400> 7

Met Glu Gly Cys Val Ser Asn Leu Met Val Cys Asn Leu Ala Tyr

1

5

10

15

<210> 8

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220> Antisense oligonucleotide to DNA coding for human gankyrin

<223> Synthetic DNA

<400> 8

cctgtcgct ttacctccca

20

<210> 9

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220> Antisense oligonucleotide to DNA coding for human

WO 99/18201 PCT/JP98/04467

gankyrin

<223> Synthetic DNA

<400> 9

tacctcccca cacacagatt 20

1 2 / 1 2